

**ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

DOKTORA TEZİ

Gönül CÖMERTPAY

**YEREL MISIR POPULASYONLARININ MORFOLOJİK VE DNA
MOLEKÜLER İŞARETLEYİCİLERİNDEN SSR TEKNİĞİ İLE
KARAKTERİZASYONU**

TARLA BİTKİLERİ ANA BİLİM DALI

ADANA, 2008

UKUROVA NİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YEREL MISIR POPULASYONLARININ MORFOLOJİK VE DNA
MOLEKÜLER İŞARETLEYİCİLERİNDEN SSR TEKNİĞİ İLE
KARAKTERİZASYONU

Gönül CÖMERTPAY
DOKTORA TEZİ
TARLA BİTKİLERİ ANA BİLİM DALI

Bu tez .. / .. / 2008 Tarihinde Aşağıdaki Jüri Üyeleri Tarafından Oybirliği/ Oyçokluğu İle Kabul Edilmiştir.

İmza:..... İmza:..... İmza:.....
Prof. Dr. Ahmet Can ÜLGER Doç Dr. Hakan ÖZKAN Prof. Dr. Rüştü HATİPOĞLU

İmza:..... İmza:.....
Doç Dr. Nafiz ÇELİKTAŞ Doç Dr. İskender TİRYAKİ

Bu tez Enstitümüz Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalında hazırlanmıştır.

Kod No:

Prof.Dr. Aziz ERTUNÇ
Enstitü Müdürü

Bu çalışma Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu (TUBİTAK-Proje No:104 O 186) ve Çukurova Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi (Proje No: ZF/2004/BAP17) tarafından desteklenmiştir.

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri kanunundaki hükümlere tabidir.

ÖZ
DOKTORA TEZİ

**YEREL MISIR POPULASYONLARININ MORFOLOJİK VE
DNA MOLEKÜLER İŞARETLEYİCİLERİNDEN SSR TEKNİĞİ
İLE KARAKTERİZASYONU**

Gönül CÖMERTPAY

**ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARLA BİTKİLERİ ANA BİLİM DALI**

Danışman : Prof.Dr. Ahmet Can ÜLGER
II.Danışman : Doç.Dr. Hakan ÖZKAN
Yıl : 2008, Sayfa: 103

Jüri : Prof.Dr. Ahmet Can ÜLGER
Doç.Dr. Hakan ÖZKAN
Prof.Dr. Rüştü HATİPOĞLU
Doç.Dr. Nafiz ÇELİKTAŞ
Doç.Dr. İskender TİRYAKİ

Yerel mısır populasyonları bitki ıslahı ve genetik çalışmalar için çok değerli genetik kaynaklardır. Bu çalışmada, 13 morfolojik özellik ve 13 SSR (basit tekrarlı dizi) markörü kullanılarak, 20 açık tozlanan Türk yerel mısır populasyonlarının morfolojik ve genetik çeşitliliği araştırılmıştır. Morfolojik özelliklere ait varyans analizi populasyonlar arasında önemli farklılıklar olduğunu ortaya koymuş ve populasyonlar arasında yüksek derecede fenotipik çeşitliliğin bulunduğunu göstermiştir. Koçan yüksekliği, koçan tane ağırlığı, bitki verimi ve koçan tane sayısı yüksek varyasyon gösterirken tane oranı, tepe püskülü çıkış süresi ve koçan kalınlığı düşük varyasyon göstermiştir.

Kullanılan bütün SSR lokuslarının polimorfik olduğu bulunmuştur. Bu 13 SSR lokusunun incelenen 20 yerel mısır populasyonunda toplam 53 tane allel verdiği saptanmıştır. Her SSR lokusu için ortalama allel sayısı 4.03 bulunmuş olup, allel sayısı 2 ile 5 arasında değişim göstermiştir. PIC (Polimorfizm Bilgi İçeriği) değeri SSR lokusları için ortalama 0.735 hesaplanmış olup 0.525 ile 0.958 arasında değişmiştir. Yerel populasyonlarda ortalama gen çeşitliliği (H_e) en yüksek 0,25 ile Uşak populasyonundan, en düşük H_e değeri ise 0,12 ile Bursa populasyonundan elde edilmiştir. Yerel mısır populasyonları arasındaki genetik benzerlik 0.79 ile 0.95 arasında değişim göstermiştir. SSR işaretleyicisine dayalı ve UPGMA metodu yoluyla dendrogram oluşturulmuştur. UPMGA analizine göre yerel mısır populasyonları iki ana gruba ayrılmıştır.

Araştırma bulgularına dayanılarak, açık tozlanan yerel mısır populasyonlarının; mısır ıslah programları için gerekli materyali sağlamak açısından zengin genetik çeşitliliğe sahip olduğu sonucuna varılmıştır.

Anahtar kelime: Genetik çeşitlilik, Mısır, SSR, Yerel mısır köy populasyonları

ABSTRACT

PhD THESIS

CHARACTERIZATION OF OPEN POLINATED TURKISH MAIZE POPULATIONS USING MORPHOLOGICAL TRAITS AND SSRs MOLECULAR MARKERS

Gönül CÖMERTPAY

CUKUROVA UNIVERSITY OF CUKUROVA
INSTITUTE OF NATURAL AND APPLIED SCIENCE
FIELD CROPS DEPARTMENT

Supervisor :Prof.Dr. Ahmet Can ÜLGER
Co-Supervisor :Doç.Dr. Hakan ÖZKAN
Year: :2008, Page: 103

Jury :Prof.Dr. Ahmet Can ÜLGER
Doç.Dr. Hakan ÖZKAN
Prof.Dr. Rüştü HATİPOĞLU
Doç Dr. Nafiz ÇELİKTAŞ
Doç Dr. İskender TİRYAKİ

Landraces of maize represent a valuable genetic resources for breeding and genetics studies. In this study, a total 13 morphological trait and 13 simple sequence repeats (SSRs) were used to study the morphological and genetic diversity among 20 open pollinated Turkish maize populations. The analysis of variance of the morphological data revealed significant differences among Turkish populations for all measured traits suggesting that there was a high degree of phenotypic diversity. The ear height, ear grain weight, plant height, and plant grain yield and the number of kernel per ear showed wide variation, while, grain rate per ear, days to tasselling and ear diameter showed narrow range of phenotypic variation.

All SSR loci were polymorphic. Fifty- three alleles were detected for 13 SSR loci. The mean number of alleles per SSR locus was 4.08, ranging from 2 to 5. The PIC (Polymorphism Information Content) values for SSR locus ranged 0.525 to 0.958, with an overall mean of 0.735. Average Gene diversity (*He*) values for population ranged from 0.12 (Bursa) to 0.25 (Uşak). Genetic similarity ranged 0.79 to 0.95. Based on SSR markers, a dendrogram was constructed using the UPGMA (The unweighted pair group method based on arithmetic averages) method. The molecular data mainly grouped the open pollinated Turkish maize population into two main clusters.

In conclusion, it was observed that open pollinated Turkish maize populations are rich source of genetic variability, providing the necessary raw materials for maize breeding programs.

Key words: genetic diversity, Maize, SSR, Turkish maize landraces

TEŞEKKÜR

Bu tezin gerekleşme aşamasında bilgi ve tecrübesiyle bana yol gösteren, özgürce çalışmamı sağlayan, öğrenmem konusunda her türlü yardımı benden esirgemeyen, çalışma sırasında her türlü kolaylığı sağlayan ve asistanı olmaktan gurur duyduğum saygı değer hocam Sayın Prof Dr. Ahmet Can Ülger' e teşekkürü bir borç bilirim.

Çalışmanın projeye dönüştürülmesinde ve projenin gerekleşme aşamasında destek ve yardımlarını esirgemeyen, kurduğu laboratuvar sayesinde, hiçbir malzeme ve tehizat sıkıntısı çekmeden çalışmamızı teşvik eden, laboratuvar da bizleri arkadaş gibi yönlendiren çok sevgili hocam Do. Dr. Hakan ÖZKAN'a şükranlarımı sunarım.

Bu çalışmada en az doktora danışmanlarım kadar bana danışmanlık yapan ve her konuda yardımlarını esirgemeyen, sırtımda sonsuz desteğini hissettiğim saygı değer hocam Prof. Dr. Rüştü HATİPOĞLU'na, teşekkürü borç bilirim.

Hem laboratuvarı hem de bir zamanlar aynı odayı paylaştığım, bu çalışmanın başından sonuna kadar hep yanımda olan sevgili dostum Zir. Yük. Müh. Sevdâ ALTINTAŞ'a teşekkürü bir borç bilirim.

Doktora tezimin gerekleştiği dönemde beni sabırla destekleyen sevgili eşim Veteriner Hekim Süleyman CÖMERTPAY'a, beni evde bekleyen bebeğime, ona anne sevgisiyle bakan ablama ve arkamda hep desteğini yakından hissettiğim çok sevgili Aileme, bu tezin bittiğini görmek için ömrü yetmeyen rahmetli Babama sonsuz teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

SAYFA

ÖZ.....	I
ABSTRACT.....	II
TEŞEKKÜR.....	III
İÇİNDEKİLER.....	IV
ÇİZELGELERİN DİZİNİ.....	VII
ŞEKİLLERİN DİZİNİ.....	X
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	XII
1.GİRİŞ.....	1
2.ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	4
2.1. Mısırın Önemi.....	4
2.2. Mısır Bitkisinin Genetiği ve Evrimi.....	4
2.3. Mısırdaki Genetik Çeşitlilik.....	8
2.4. Moleküler Markörler ve Mısır.....	14
2.5. Kantitatif Özellikler Lokusu (QTL), Bulk Segregant Analizi (BSA) ve Mısır.....	22
3.MATERYAL VE METOT.....	26
3.1. MATERYAL.....	26
3.1.1. Bitki Materyali.....	26
3.1.2. Deneme Yerinin İklim Toprak Özellikleri.....	28
3.1.2.1. İklim Özellikleri.....	28
3.1.2.2. Toprak Özellikleri.....	29
3.2. METOT.....	29
3.2.1. Ekim, Bakım ve Hasat İşlemleri.....	29
3.2.2. Araştırmada İncelenen Morfolojik ve Agronomik Özellikler.....	30
1. Tepe Püskülü Çiçeklenme Süresi	30
2. Bitki Boyu.....	30
3. İlk Koçan yüksekliği.....	30
4. Sap Kalınlığı.....	30
5. Yaprak Açısı.....	30

6. Yaprak Sayısı.....	30
7. Tek Yaprak Alanı.....	30
8. Koçan Uzunluğu	31
9. Koçan Kalınlığı.....	31
10. Koçanda Tane Sayısı.....	31
11. Koçanda Tane Ağırlığı	31
12. Tane Oranı.....	31
13. Bitki Verimi.....	31
3.2.3. Morfolojik ve Agronomik Özelliklere Ait Verilerin	
Değerlendirilmesi.....	31
3.2.4. Moleküler Analizler.....	32
3.2.4.1. Bitki Örneklerinde Genomik DNA Analizi.....	32
3.2.4.1.(1).Yaprak Örneklerinin Hazırlanması.....	32
3.2.4.1.(2). DNA İzolasyonu.....	32
3.2.4.2. DNA Konsantrasyon Ayarı.....	35
3.2.4.3. Kullanılan Mikrosatellit Primerleri.....	38
3.2.4.4. Polimeraz Zincir Reaksiyonları.....	39
4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	43
4.1. Morfolojik ve Agronomik Özelliklerin Karakterizasyonu.....	43
4.1.1. Populasyon İçi Varyasyon.....	43
4.1.1.1. Tepe Püskülü Çiçeklenme Süresi	43
4.1.1.2. Bitki Boyu.....	44
4.1.1.3. Koçan yüksekliği.....	46
4.1.1.4. Sap Kalınlığı.....	47
4.1.1.5. Yaprak Açısı.....	48
4.1.6. Bitkide Yaprak Sayısı.....	50
4.1.1.7. Tek Yaprak Alanı.....	51
4.1.1.8. Koçan Uzunluğu	52
4.1.1.9. Koçan Kalınlığı.....	54
4.1.1.10. Koçanda Tane Sayısı.....	55

4.1.1.11. Koçanda Tane Ağırlığı	57
4.1.1.12.Tane Oranı.....	58
4.1.1.13. Bitki Verimi	59
4.2.1. Populasyon Arası Varyans.....	60
4.2.2. İncelenen Özellikler Arasında Saptanan Korelasyon Katsayıları.....	66
4.3. Moleküler (SSR) Analizler.....	70
5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER.....	82
6.KAYNAKLAR.....	86
ÖZGEÇMİŞ.....	103

ÇİZELGELER DİZİNİ

SAYFA

Çizelge 2.1	Bitki ıslahında en çok kullanılan markör sistemlerinin karşılaştırılması.....	22
Çizelge 3.1.	Materyal Olarak Kullanılan Populasyonlara Ait Kayıt No, Toplandığı Yer, Materyalin Tipi ve Toplandığı Yerin Yüksekliğine Ait Değerler	26
Çizelge 3.2.	Deneme Alanının 2004 Yılı ve Uzun Yıllar Ortalamasına Göre ve Aylar İtibari ile Kaydedilen Sıcaklık, Yağış ve Oransal Nem Değerleri.....	28
Çizelge 3.3.	Araştırmada kullanılan SSR primerlerinin Adı, DNA dizilimleri ve Bulunduğu Kromozom ve segmenti.....	38
Çizelge 3.4.	Poliacrilamid Jelin Hazırlanmasında Kullanılan Solusyonlar ve Miktarları.....	40
Çizelge 3.5.	5X SGB Buffer Solüsyonu İçin Gerekli.....	40
Çizelge 4.1.	20 Farklı Mısır Populasyonunda Elde Edilen Tepe Püskülü Çıkış Süresine Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri.....	43
Çizelge 4.2.	20 Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Bitki Boyuna Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri.....	45
Çizelge 4.3.	20 Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Koçan Yüksekliğine Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri.....	46
Çizelge 4.4.	20 Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Bitki Sap Kalınlığına Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri.....	48

Çizelge 4.5.	20 Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Yaprak Açısına Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri.....	49
Çizelge 4.6	20 Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Bitki Yaprak Sayısına Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri.....	50
Çizelge 4.7.	20 Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Tek Yaprak Alanına Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri.....	51
Çizelge 4.8	20 Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Koçan Uzunluğuna Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri.....	52
Çizelge 4.9	20 Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Koçan Kalınlığına Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri.....	54
Çizelge 4.10	20 Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Koçan Tane Sayısına Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri	56
Çizelge 4.11	20 Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Koçan Tane Ağırlığı Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri.....	57
Çizelge 4.12	20 Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Tane Oranına Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri.....	59

Çizelge 4.13	20 Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Bitki Verimine Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri.....	60
Çizelge 4.14	20 Farklı Mısır Populasyonunda İncelenen 13 Morfo-Fizyolojik Özelliğe Ait, Ortalama, Minimum ve Maksimum Değerler ile Varyasyon Katsayısı Değerleri.....	61
Çizelge 4.15	Araştırmada Yer Alan 20 Mısır Populasyonunda İncelenen Özellikler Arasında Hesaplanan Korelasyon katsayıları katsayıları	67
Çizelge 4.16	Yirmi yerel mısır populasyonunda kullanılan SSR'ların allel sayısı, DNA dizilimi, bulunduğu kromozom, allel büyüklüğü ve PIC Değerleri.....	72
Çizelge 4.17	20 yerel mısır populasyonuna ait her SSR lokusu için Nei (1973)'e göre hesaplanan Gen çeşitliliği (<i>He</i>) ve her populasyona ait ortalama <i>He</i> Değerleri.....	78
Çizelge 4.18	Yirmi Populasyon Arasındaki Genetik Benzerlik Katsayıları.....	79

ŞEKİLLER DİZİNİ

SAYFA

Şekil 2.1.	Bugünkü Modern Mısır ve Onun Atası Sayılan Teosinte.....	5
Şekil 2.2.	1-Mısır Bitkisinin Koçanı, 2- Mısır Tepe Püskülü, 3- Primitif (ilkel) Mısır koçanı, 4-5 Teosinte koçanı, 6-7 Tripsacum'un genel çiçeği ve çiçeğin dışı organı.....	6
Şekil.3.1.	Deneme Parsellerindeki Bitkilerin Çıkışı.....	27
Şekil.3.2.	Yerel Mısır Populasyonlarından Oluşan Denemenin Genel görüntüsü.....	27
Şekil 3.3.	Yaprak Örneklerinin Sıvı Azotta Ezilmesi	33
Şekil.3.4.	Tampon Çözeltisi Eklenmiş Örneklerin Su Banyosunda Tutulması.....	33
Şekil 3.5	Örneklerin santrifüj aşaması.....	34
Şekil 3.6	A) Santrifüj Sonrası Ortaya Çıkan İki Faz B) Üst Fazın Alınması C) Alınan Üst Fazın Başka Bir Tüpe Aktarılması	34
Şekil 3.7	İsopropanol Eklenmiş Tüpte DNA'nın Çökmesi aşaması.....	35
Şekil 3.8	% 0.8'lik Agaroz Jelde Koşulmuş Stok DNA Örnekleri.....	36
Şekil 3.9	50 ng'a Ayarlanmış DNA Örneklerinin %0.8'lik Agaroz Jelde Koşulması.....	37
Şekil 3.10	Umc1403 (bin 1.03) ve Phi035 (bin10.06) SSR Primerlerinin Bulunduğu Kromozom ve Yeri	39
Şekil 3.11	Poliagrilamit Jelde DNA'nın koşulması.....	41
Şekil 4.1	Mısır populasyonlarında farklı bitki boylarıyla ilgili görüntüler.....	45
Şekil.4.2.	Mısır Populasyonlarında Farklı Koçan Yükseklikleriyle İlgili Görüntüler.....	47
Şekil 4.3.	Mısır populasyonlarında farklı koçan uzunluklarıyla ilgili görüntüler.....	53

Şekil 4.4	Farklı koçan kalınlığıyla ilgili görüntü.....	56
Şekil 4.5.	Populasyonlar arası farklı koçan boylarıyla ilgili görüntü.....	62
Şekil 4.6.	Yerel Mısır Populasyonlarına Ait UMC1403, PHI127 ve PHI090 SSR Primerlerinin Amplifikasyon Ürünleri.....	73
Şekil 4.7.	Yerel Mısır Populasyonlarına Ait PHI029, NC135 ve PHI113 SSR Primerlerinin Amplifikasyon Ürünleri.....	74
Şekil 4.8.	Yerel Mısır Populasyonlarına Ait PHI128, UMC1178 ve PHI034 SSR Primerlerinin Amplifikasyon Ürünleri.....	75
Şekil 4.9	Yerel Mısır Populasyonlarına Ait PHI015, PHI065 ve PHI084 SSR Primerlerinin Amplifikasyon Ürünleri.....	76
Şekil.4.10	Yerel Mısır Populasyonlarına Ait PHI035 SSR Primerinin Amplifikasyon Ürünleri.....	77
Şekil 4.11.	UPGMA analizine göre yapılmış dendogram analizi.....	82

SİMGELER VE KISALTMALAR

AFLP	: Amplified Fragment Length Polimorphisms
Bç.	: Baz çifti
BSA	: Bulk Segregant Analysis
C.V	: Varyasyon Katsayısı
CIMMYT	: The International Maize and Wheat Improvement Center
DNA	: Deoksiribonükleik asit
Düş	: Düşük
EDTA	: Ethylenediaminetetraacetic acid
F	: Forward
FAO	: Food Agricultural Organization
He	: Gen çeşitliliği
INRA	: Institut scientifique de recherche agronomique
IPGRI	: International Plant Genetic Resources Institute
MAKS	: Maksimum
MAS	: Markörlere Dayalı Seleksiyon
MİN	: Minimum
ng	: nanogram
Ort	: Ortalama
PAUP	: Phylogenetic analysis using parsimony
PCR	: Polymerase Chain Reaction
PIC	: Polymorphism Information Content
POPGEN	: Populasyon genetik analiz programı
QTL	: Quantitative Trait Loci
R	: Reverse
RAPD	: Random Amplified Polimorphic DNAs
RFLP	: <u>R</u> estriction <u>F</u> ragment <u>L</u> ength <u>P</u> olymorphism
SGB	: Sample gel buffer
Sıc	: Sıcaklık
SNP	: Single Nucleotid Polymorphism

SSR	: Simple Sequence Repeats
TBE	: Tris-Borate-EDTA
UPGMA	: Unweighted Pair-Group Method With Arithmetical Averages
USDA	: United States Department of Agriculture
Yük	: Yüksek
yy	: yüzyıl

1.GİRİŞ

Kültür mısırının dünyaya yayılması Christopher Columbus'un Amerika'yı keşfinden (1492) sonra olmuştur. Christopher Columbus ve ekibi 1493 yılında kültür mısırını İspanya'ya getirmiştir. 15 yy. içinde buradan Kuzey Afrika yoluyla Asya'ya, 16 yy. da Portekizlilerce Batı Afrika'ya ve daha sonra Hindistan ve Çin gibi uzak doğu ülkelerine götürülmüştür. Türkçe'de bu bitkiye "mısır" adının verilmesi, onun yurdumuza Kuzey Afrika yoluyla Mısır ve Suriye'den girdiğini göstermektedir (Kırtok, 1998). Orta Avrupa ülkelerinde ise mısır bitkisinin Türk buğdayı "Grano de Turco" ya da "Türkische Weizen" olarak isimlendirilmesi mısır bitkisinin ilk olarak bu ülkelere Türkiye üzerinden Osmanlılar yoluyla gittiğini gösteren bir kanıt sayılabilir (Ögel, 2000). Türkiye'ye 16. yüzyılda giren mısır bitkisi o günden bugüne kadar hayvan ve insan beslenmesinde önemli rol oynamıştır.

Kullanım alanları bakımından diğer tahıllardan hiçbirisi mısır bitkisine benzemez. Mısırın neredeyse her kısmı ekonomik değere sahiptir. Bitkinin daneleri insan gıdası ve hayvan yemi olarak, nişasta, yağ, şeker, protein, selüloz ve etil alkol üretimi için de endüstri hammaddesi olarak kullanılır (Kırtok, 1998; FAO, 1992). Bunun yanında, bitkinin sap, yaprak, çiçek püskülleri yeşil olarak silaj ya da kuru olarak yakacak biçiminde değerlendirebildiği gibi, bitkinin kökleri toprağın fiziksel bünyesini iyileştirmek için toprağa iyice karıştırılarak kullanılır ya da malçlama yapılarak veyahut ta yakacak olarak kullanılabilir (Morris 2002).

Mısır, dünyada ekim alanı bakımından buğday ve çeltikten sonra yaklaşık 144 milyon hektar ile üçüncü sırada yer alırken, üretim miktarı bakımından bazı yıllar ikinci bazı yıllarda ise birinci sırada yer almaktadır (695 milyon ton). Dekara tane veriminin dünya ortalaması 482 kg'dır. Türkiye'de mısır ekim alanı 650.000 hektar ve üretimi ise 3.8 milyon ton ve ortalama verimi ise 586 kg/da'dır. Türkiye'de mısır, ekim ve üretim bakımından buğday ve arpadan sonra üçüncü sırayı almaktadır (FAO, 2006). Türkiye'de mısırın ortalama % 64'ü yem sanayiinde, % 36'sı ise gıda sanayiinde kullanılmaktadır (Ege ve Karahocagil,2001).

Dünya nüfusunun hızla artmasıyla, artan nüfusun besin maddeleri gereksiniminin karşılanması sorun yaratmaya başlamıştır. Dünyada mevcut tarım

alanlarını arttırma imkanı olmadığından, mevcut tarım alanlarının en iyi şekilde değerlendirilerek verimliliğin arttırılması önem arz etmektedir. Bitkisel verimliliği arttırmanın en önemli yolu; yüksek verimli ve kaliteli ürün verebilen yeni çeşitlerin ıslah edilmesidir. Bunun içinde bitki ıslahçıları yerel populasyonları veya yabancı yakın akraba türleri kullanmaktadırlar.

Yerel mısır populasyonları; çiftçilerin uzun yıllar boyunca yapmış olduğu geleneksel toptan seçme yöntemleriyle bugüne kadar gelmiş ve o bölgeye iyi adapte olmuştur. Yerel mısır populasyonları diğer bir deyişle köy populasyonları genellikle büyük bir genetik çeşitliliğe sahiptir. Yerel populasyonlar bulundukları bölge içerisinde yıllardır doğal ve yetiştirici seleksiyonlarıyla şekil almış ve o bölgenin iklim ve diğer çevresel faktörlerine adapte olmuştur. Bununla birlikte, bulundukları çevrenin ekstrem koşullarına, soğuk, kurak, hastalık ve zararlılarına karşı dayanıklılık göstermeleri söz konusudur. Ilıman bölgelerde tarımı yapılan mısır çeşitlerinin çoğunluğu genetik yapıları bakımından dar olması nedeniyle son zamanlarda bu genetik kaynakların korunmasına ilgi artmıştır. (Ruiz de Galarreta ve Alvarez 2001). Ilıman bölgelerde mısır bitkisinin genetik çeşitliliğini arttırmak için, yerel populasyonlardan yararlanmak bugün için en pratik yol olarak gözükmektedir.

Etkili bitki ıslahı ve çeşit geliştirme programları, bitki genetik çeşitliliğinin elde edilebilirliğine bağlıdır. Yerel populasyonların bitki ıslahında etkin bir şekilde kullanılmasına en iyi örnek buğdaydan gelmiştir. Esquinaz-Alcazar, 1993'ün Myer,1983'ten yaptığı alıntıya göre; J.R. Harlan tarafından 1948'de Türkiye'den toplanmış bir yerel buğday genotipi önceleri tarımsal özellikleri nedeniyle pek kayda değer görülmemiş, ama sonraları bu yerel buğday çeşidinin *Puccinia striiformis*, *Tilletia caries* ve *T. foetida*'nın 35 ırkına ve *T. controversa*'nın 10 ırkına karşı dayanıklılık genlerini taşıdığı, *Urcocytis* ve *Fusarium* gibi hastalıklara ise toleranslı olduğu bulunmuştur. Bundan dolayı günümüzde bu yerel populasyonların toplanması ve bunların genetik çeşitlilik yönünden araştırılması önem arz etmektedir.

1980'li yıllara kadar Türkiye'nin her yerinde açık döllen popülasyonlar olarak tarla ve bahçelere ekilen mısır, son yıllarda özellikle yüksek verimli ve kaliteli melez mısır çeşitlerinin Türkiye'ye girmesiyle yurdumuzun her yerinde yetiştirilmeye başlanmıştır. Farklı ekolojik bölgelerde çiftçiler tarafından yapılan basit

seleksiyonlarla bölge koşullarına uygun, kaliteli ve genetik çeşitliliğini muhafaza eden açık döllen mısır populasyonlarının devamlılığı uzun yıllardan beri çiftçiler tarafından sağlanmıştır. Ancak, son yıllarda, çiftçilerin yüksek verimli melez mısır çeşitlerini tercih etmeye başlamalarından dolayı, uzun yıllardan beri seçilmiş ve mısır ıslah programları için çok değerli olan bu yerel mısır populasyonlarının kaybedilme tehlikesi ortaya çıkmıştır. Bu durum göz önünde bulundurularak, Menemen Gen Bankası (Menemen-İzmir) tarafından yapılan “Mısır yerel populasyonlarının toplanması” projesi ile bu yerel populasyonlar toplanmaya çalışılmış ve toplanabilen materyaller Menemen Gen Bankasında özel şartlarda muhafaza edilmiştir. Özellikle toplanan bu materyalin hem morfolojik hem de DNA seviyesinde genetik çeşitliliğinin saptanması üzerine ayrıntılı araştırmalar yapılmadığından var olan genetik potansiyel ortaya çıkarılamamıştır.

Bu çalışmanın amacı; Türkiye’de değişik bölgelerden toplanmış 20 yerel mısır populasyonlarında;

- 1) *Populasyon içi ve populasyonlar arası morfolojik ve agronomik karakterler bakımından çeşitliliği saptamak,*
- 2) *SSR markörlerini kullanarak DNA bazında çeşitliliği incelemek*
- 3) *Morfolojik ve moleküler tekniklerden elde edilen sonuçları birbirleri ile karşılaştırmaktır.*

Buradan elde edilecek sonuçlar; yerel populasyonların mısır ıslahında amaca uygun olarak kullanılmasını sağlayacağı gibi, ileriye dönük mısır genom haritalarının çıkarılmasına da iyi bir kaynak oluşturacaktır.

2.ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR**2.1. Mısırın Önemi**

Mısır, *Poaceae* (bugdaygiller) familyasına ait monokotiledon bir bitkidir. *Poaceae* familyası içerisinde çiçeklenme biçimi bakımından diğer türlerden farklıdır. Çiçekleri monoik yapıda olup, erkek (tepe püskülü) ve dişi çiçekler (koçan) aynı bitki üzerinde fakat farklı yerlerde bulunmaktadır. Mısır, $2n=20$ kromozomlu olup diploid bir bitkidir. Mısır, geniş adaptasyon kabiliyeti nedeniyle Dünya'nın farklı bölgelerinde kültürü yapılabilmektedir. 50° kuzey enleminden 50° güney enlemlerine, deniz seviyesi ile 3000 m ye kadar olan yüksekliklerde ve ayrıca birçok toprak tipinde tarımı yapılabilmektedir (Morris 2002).

Mısır, geniş bir kullanım alanı olması nedeni ile diğer tahıllara göre oldukça farklı bir konuma sahiptir. İçerdiği zengin besin maddeleri ile mısır, hem insan hem de hayvan beslenmesinde kullanılabilmektedir. Hayvan beslenmesinde yem hammaddesi olarak kullanılan mısır, insan beslenmesinde ise doğrudan kullanımının yanı sıra birçok gıda maddesinin üretiminde hammadde olarak kullanılmaktadır. Mısır danesinin yapısında ticari değere sahip bir çok kimyasal bileşik vardır. Olgun bir danede %70-75 nişasta, % 8-10 protein ve % 4-5 yağ içerir (Earle ve ark1946). Mısır, nişasta protein ve yağ kaynağı olarak kullanılmasının dışında diğer birçok kullanım alanları (glikoz; içeceklerde ve reçel yapımında, etanol; biodizel yakıt, plastik yapımında ve bunun gibi) ile de dikkat çekmektedir.

Bir çok kullanım alanı nedeniyle bugün; koçan uzunluğu ve şekli, tane büyüklüğü ve şekli, dane rengi, yapısı, aroması ve lezzeti, pişirim kalitesi, endospermi, yağ, protein ve nişasta içeriği gibi birçok farklı özelliklere sahip farklı mısır çeşitleri yetiştirilmektedir.

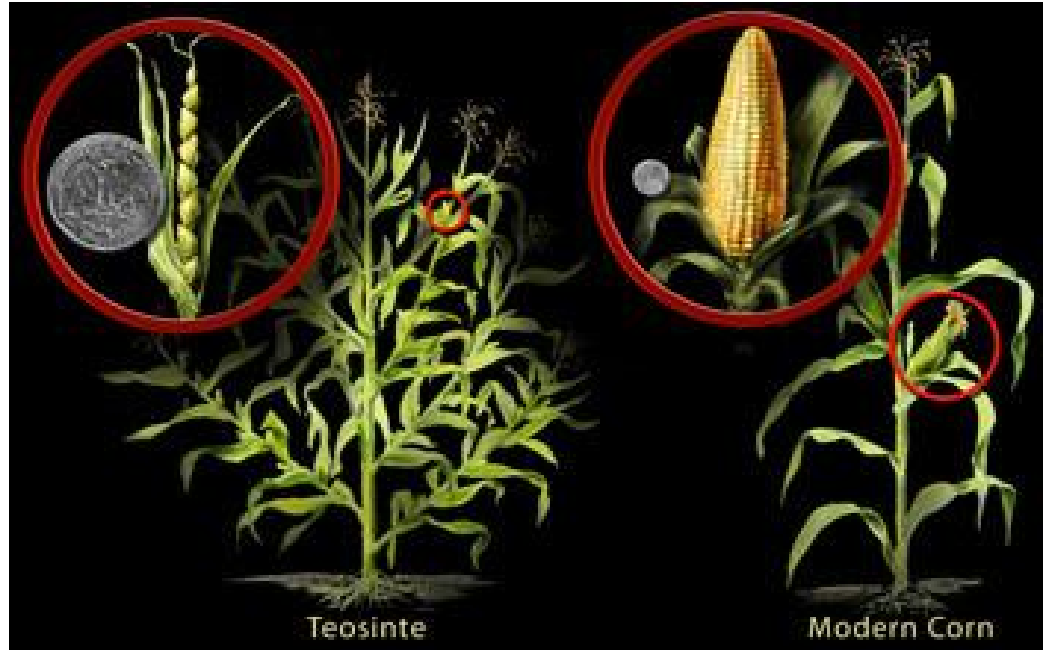
2.2. Mısır Bitkisinin Genetiği ve Evrimi

Diğer tahıl türlerinde olduğu gibi kültüre alınmış mısır bitkisinin orijini eski yazılı kayıtlarda bulunmaktadır ve bitkinin üretimi M.Ö. 5000 yıllarına

dayanmaktadır (White, 2001). Mısır yakın akrabası olan *Teosinte*' den, morfolojik özelliklerin birçoğu bakımından evrim geçirerek gelişmiş olduğu düşünülmektedir (Mangelsdorf, 1974; Brown ve Goodman 1977). Mısır, Amerika'nın keşfine kadar Güney Amerika'dan Kuzey Amerika'nın en kuzeyine, Kanada sınırlarına kadar yayılmış bir kültür bitkisiydi. Bu kıtaya ait yerli halkın dininde mısır, "mısır tanrısı ve tanrıçası", olarak adlandırılan ve tanrının onlara bir hediyesi olarak görülmüştür (Walden, 1966).

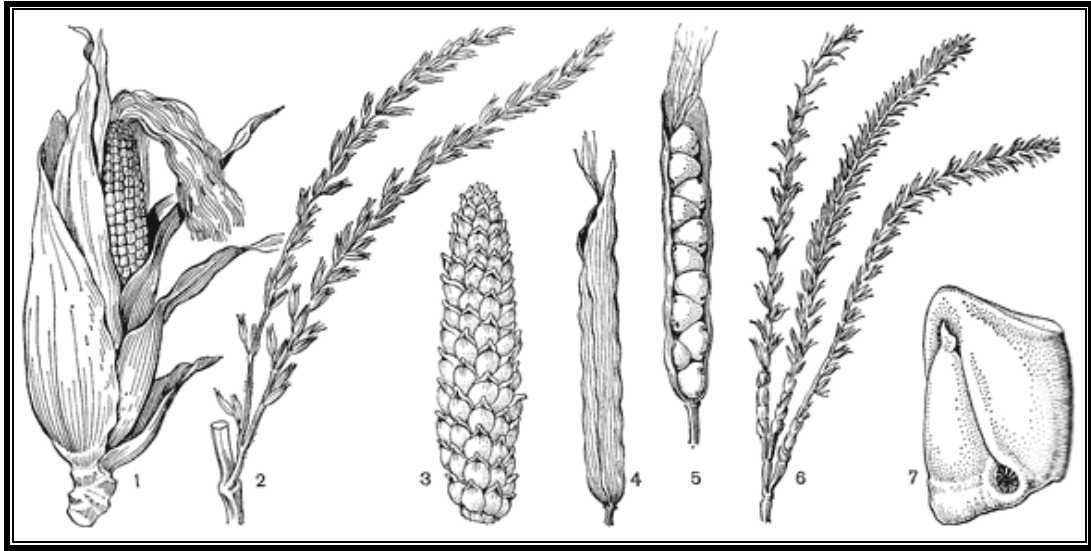
Modern mısır genotipleri Meksika, Orta ve Güney Amerika yerlileri tarafından ilkel mısır populasyonları arasından seleksiyonla elde edilmiştir. Mısır ırklarının ayrışımı kendi içerikleri nedeniyle gıda, içecek ve ilaç üretiminde kullanılmış ve bu nedenle bugün eşsiz özelliklerde, kimyasal bileşenleri ve yapısı bakımından farklılıklara neden olmuştur (White, 2001).

Mısır *Poaceae* familyasına ait bir bitki olmasına karşın bu familya içerisinde çiçeklenme biçimi (monoik olması) bakımından diğer bitkilerden farklılık gösterir. Çiçeklenme biçimi bakımından mısır bitkisine benzer tek bitki *Teosinte*'dir. (Şekil 2.1).



Şekil 2.1. Bugünkü Modern Mısır ve Onun Atası Sayılan *Teosinte* (Anonymous, 2008a)

Taksonomik sınıflandırma içerisinde teosinte yabani bir bitki olup mısırın yakın akrabası olarak bilinir. Teosinte, Guatemala ve Meksika’da doğal bitki olarak bulunur. Teosinte Meksika’nın endemik bitkisidir. Bundan dolayı mısırın orijinin Meksika olduğu düşünülmektedir. Hem mısır hem Teosinte, *Zea* ($2n = 20, 40; x = 10$) cinsine ait bitkilerdir. *Zea* cinsinin yakın akrabası (**Şekil 2.2**) *Tripsacum* ($2n=36, 54, 72 x=9$) cinsi içerisinde yaklaşık 20 tür vardır ve bu türler Amerika’nın doğal bitkisidir. Bu türlerin yayılma merkezi yine Meksika’dır (Wilkes, 2004).



Şekil 2.2. 1-Mısır Bitkisinin Koçanı, 2- Mısır Tepe Püskülü, 3- Primitif (ilkel) Mısır koçanı, 4-5 Teosinte koçanı, 6-7 Tripsacum’un genel çiçeği ve çiçeğin dişi organı. (Anonymous, 2008b)

Mısır ve *Tripsacum* türleri arasında yapılan melezlemelerde, her iki türe ait kromozomlar arasında parça değiş tokuşu söz konusu olmasına karşın F_1 bitkileri yüksek oranda kısırlık gösterir. Fakat, Mısır ve Teosinte arasında melezleme kolaylıkla yapılabilmekte ve oluşan melezler ve sonraki generasyonlar fertil olmaktadır (Wilkes, 1966, 2004). *Tripsacum* ile Teosinte arasında yapılan melezlemelerde başarı şansı çok düşük olup bir çok araştırmacı bu kombinasyonda başarılı olamamıştır (Mangelsdorf 1974). 1970’lerin sonuna doğru Iltis ve ark. (1979), Meksikanın Jalisco dağlarında nesli tükenme noktasına gelmiş olan çok yıllık

diploid Teosinte (*Zea diploperennis*) türünü bulmuşlardır. 1982 yılında Wilkes (1982) *Tripsacum* ile Teosinte türleri arasında yapılan melezlemelerde var olan problemlerin, bu yeni türün melezlemelerde kullanılmasıyla aşılabileceğini bildirmiştir. Nitekim, *Tripsacum* x Teosinte (*Zea diploperennis*) melezlenmesi sonucu oluşan döllerin fertil olduğu ve oluşan bireylerin başak yapısının arkeolojik kazılardan elde edilen prototip koçanlara benzediği ortaya çıkmıştır (Eubanks, 2001). Bu da *Tripsacum*'un mısır bitkisinin evrimsel sürecindeki önemini vurgulamıştır. *Tripsacum*'un *Zea* cinsiyle ortak genetik yapıyı paylaştığı açıktır fakat daha uzak akrabadır.

Mısır bitkisinin orijini üzerine ortaya atılan teoriler; seleksiyonlarla Teosinteden geldiğini, bazı farklı teoriler ise şu an mevcut olmayan ve nesli tükenmiş bir türle melezi sonucu oluşmuş olabileceği üzerinedir. Bu teoriler üç evrimsel modele dayanır. Birinci model mısır bitkisinin yabani atasından (Teosinte, yabani mısır ve nesli tükenmiş bilinmeyen tür) insanoğlunun yaptığı seleksiyonlar sonucu, gelişerek doğrudan evrimine dayanır. İkinci model ise birbirinden tamamen farklı iki ebeveynin melezlenmesi sonucu oluşan hibrit evcilleşme için önemli derecede uygun bir bitkidir ve bu devreden sonra insanoğlu evrimsel süreci tamamlamıştır. Evrimsel sürecin üçüncü modeli ise değişik atalardan gelen (polyphyletic) kendisine uzak yabani atasıyla, veya kendisine yakın yabani akrabasıyla (Teosinteyle, yabani mısırla veya birçok orijinli yabani mısır ile Teosinte ve *Tripsacum*'un tekrarlamalı olarak, herhangi bir sırayla) melezlenmesi sonucu oluşmasıdır (Wilkes, 2004).

Mısır bitkisinin evriminde Teosintenin rolü hakkındaki fikir birliği ortaya atılan hipotezlerde görülebilir. Teosintenin, mısır bitkisinin bilinen en yakın akrabası olduğu Ascherson (1875) nun bildirmesinden beri devam etmektedir. Fakat, Teosintenin 5-7 daneli basit yapıdaki başağı nasıl olup ta, yüzlerce dane üreten verimli bir koçana dönüşmüştür? Bu sorunun cevabı hala tam olarak bilinmemektedir. Fakat bir gerçek vardır ki o da mısır bitkisinin orijini üzerine yapılmış her teorinin Teosinteyi içermesidir (Smith ve ark, 1981, Smith, 1988).

2.3. Mısırdaki Genetik Çeşitlilik

Bitki gen kaynakları çevresel değişime karşı bir tampon görevi görürler. Bundan dolayı hem tarımsal gelişim hem de genetik adaptasyon kaynağıdır. Yerel populasyonlar veya bitkilerin yabani formları bu amaç için doğrudan ve dolaylı olarak kullanılabilirler (Esquinaz-Alcazar, 1993). Bitki ıslahında istenen özellikleri aktarmadaki başarı mevcut materyalin genetik yapısıyla sınırlıdır. Islah çalışmalarında kullanılacak bitki materyallerinin özellikleri önceden belirlenmek zorundadır. Özellikleri bilinen materyalin bir ıslah programında kullanım süresi taşıdığı özellikler doğrudan ilgilidir. Örneğin; kalite özellikleri her zaman kullanılabilir özellikler iken, bitki hastalıkları ve zararlıları için durum farklıdır. Mesela hastalık etmeninin sık sık mutasyona uğraması ve ırk değiştirmesinden dolayı her zaman yeni dayanıklılık kaynaklarına ihtiyaç vardır. Son yıllarda, yerel çeşitlerin yerini ticari çeşitlerin alması, yeni arazilerin yerleşime açılması ve yetiştirme metotlarındaki değişiklikler bitki gen kaynaklarının hızlı bir şekilde erozyona uğramasına neden olmuştur. Gen kaynaklarının erozyona uğraması dünyanın gıda güvenliğini tehdit edebilmektedir (Esquinaz-Alcazar, 1993).

Zea, Mısır (*Zea mays ssp. mays*) ve onun yabani akrabası *Teosinte*'nin cins ismidir. Bu cins içinde Meksika ve Orta Amerika'ya endemik olan 4 tür *Zea diploperennis*, *Zea perennis*, *Zea luxurians* ve *Zea mays* vardır (Doebley ve Iltis, 1980). *Zea mays* türünün altında ise 4 alt tür daha mevcut olup bunlar *Z. mays ssp. huehuetenangensis*, *Zea mays ssp. mays*, *Zea mays ssp. mexicana*, ve *Zea mays ssp. parviglumis* dir. *Zea mays* 'ın üç yabani alt türü arasında, *Z. mays ssp. parviglumis* kültür mısırının atası olarak düşünülmektedir (Doebley ve ark, 1984; Wang ve ark.1999). SSR DNA markörü kullanılarak, 264 mısır ve mısırın atası olan türlerde yapılan DNA analizlerinde, mısır bitkisinin *Z. mays ssp. parviglumis* türünden geldiği, ve yaklaşık 9000 yıl önce Meksika'nın güneyinde kültüre alındığı saptanmıştır (Matsuoka ve ark., 2002a).

Yapılan genetik çeşitlilik çalışmaları mısırdaki hem populasyonlar arası hem de populasyon içi yüksek varyasyon olduğunu göstermektedir (Bonciarelli, 1961;

Camussi ve ark.,1980; Bosch ve ark., 1997, Warburton ve ark., 2002). Mısırın atası olan *Zea mays ssp. parviglumis* ve mısırın uzak akrabası olan *Zea luxurians*'da *adh1* (alcohol dehydrogenase-1) lokusunun dizilimi; *parviglumis*'un *Z. luxurians*'dan daha fazla çeşitliğe sahip olduğu ve mısır bitkisinin bu lokus için sahip olduğu çeşitliliğin %77'sinin *parviglumis*'dan geldiği görülmüştür (Eyre-Walker ve ark., 1998).

Doebley ve ark., (1990) Mısır ve varsayılan atası Teosinte (*Zea mays subs. Mexicana* [*Z.mexicana*]) arasında göze çarpan morfolojik farklılığı anlamak için mısır ile teosinte arasında yaptıkları melezleme sonucunda oluşan F₂ populasyonunu moleküler markörleri kullanarak çalışmışlardır. Çalışma sonucunda, mısır ve teosinteyi birbirinden ayıran temel özellikleri kontrol eden birçok genin ve mısır ve teosinte arasındaki morfolojik farklılığı ortaya koyan ana lokusların ilk dört kromozom üzerinde olduğu sonucuna varmışlardır. Mısır ve Teosinte arasındaki farklılıkların evrimsel süreç içerisinde kısmen gelişimsel modifikasyonlar içerdiğini, bu modifikasyonların mısırdaki lateral çiçeklenmeyi (koçan) sağladığını bulmuşlardır.

Eubanks, (1995) *Zea diploperennis* ve *Tripsacum dactyloides* arasında normal tozlama yoluyla melezleme yapmış ve başarılı bir şekilde altı tane fertil F₁ elde etmiştir. Daha önce yapılan *Tripsacum* x Teosinte melezlerinde fertil dölleri elde edilememesi kullanılan türler arasında uyumsuzluk olduğu sonucunu ortaya koymuştur. Bazı araştırmacılar *Tripsacum*'un mısır bitkisinin orijininde rol oynadığı; *Z.diploperennis* –*Tripsacum* melezinin buna bir kanıt olduğu düşüncesindedirler (Maiti ve Wesche- Ebeling, 1998).

Herhangi bir gen havuzunda genetik çeşitliliğin bilinmesi ıslah programını tasarlamada gerekli olan bir bilgidir. Özellikle melezleme de kullanılacak anaçların mevcut durumunun bilinmesiyle bitki ıslahının etkinlik derecesi artırılabilir. Özellikle mısır gen havuzu içinde genetik çeşitlilik çalışmaları çok yoğun bir şekilde yapılmış ve yapılmaya devam edilmektedir. Örneğin, Amerika Birleşik Devletleri ticari melez mısır çeşitlerinin orijini açık tozlanan “Reid” ve “Lancaster” isimli iki populasyondan elde edilen saf hatların melezlerine dayanmaktadır (Goodman, 1990; Darrah ve Zuber, 1986). Genetik çeşitlilik bitkilerde yeni abiyotik veya biyotik streslere karşı bitkilerin adaptasyonuna izin vermesi nedeniyle ciddi avantaj oluşturur. Birçok yerel çeşit,

populasyon ve bitkinin yabani akrabaları hastalık ve zararlılara dayanıklılık gibi ve kalite özelliklerini kontrol eden genler gibi arzu edilen genleri içerir. Örnek olarak, mısır, buğday ve arpada verimin yaklaşık olarak % 40-80'i bu tip bitkilerin bitki ıslahında kullanılmasıyla elde edilmiştir (Evans ve Evans, 1993; Hallauer ve Miranda, 1988). Sonuç olarak, dünyanın bir çok yerinde bitkiler genetik çeşitliliği korumak amaçlı toplanmakta ve bitki ıslahçıları istediklerinde bu değerli materyalleri kullanabilmektedirler. Örneğin, Uluslararası mısır ve buğday geliştirme merkezi (CIMMYT) 17000 mısır aksesyonu (kayıt sayısı) bulundurmaktadır (CIMMYT, 2000).

Genetik çeşitliliğin saptanmasında farklı metotlar kullanılmaktadır. Özellikle morfolojik ve biyokimyasal veriler ile pedigrı dataları çok uzun zamanlardan beri bu amaç için kullanılmaktadır (Oliveira ve ark., 2004). Bir populasyonun değerlendirilmesinde morfolojik veriler oldukça sınırlı olup bunlar çevre şartlarının etkisi altında kalabilmekte ve bundan dolayı da populasyonların genetik potansiyelleri tam olarak saptanamamaktadır (Smith ve Smith, 1989). Bu durum genetik ilişkilerin tahminini ya da hesaplanmasını etkileyebilir. Ancak tekrarlamalı denemelerde doğru yapılmış morfolojik ölçümler yararlı olur. Bu pahalı ve zaman alıcı olabilir. Bununla birlikte özelliklerin kalıtım derecesi yüksekse, morfolojik markörler çeşitlilik çalışmaları için seçenек olma durumundadır. Bunun nedeni markörün kalıtımı görsel biyokimyasal veya moleküler teknikler kullanılmaksızın görsel olarak ortaya çıkar. Son 30-40 yıldan beri çok miktarda kültür bitkisinin yabani formları, yakın akrabaları ve bunların köy çeşitleri toplanmış, depolanmış ve değerlendirilmiştir. Fakat bu genetik çeşitlilik bitki ıslahında etkin bir şekilde bugüne kadar kullanılamamıştır.

Bugüne kadar farklı orjinli açık tozlanan yerel mısır populasyonlarının morfolojik olarak karakterizasyonu farklı araştırmacılar tarafından yapılmıştır (Camussi, 1979; Camussi ve ark., 1980; Alvarez ve Ruiz de Galarreta, 1995).

Malvar ve ark. (1996), 1987 ve 1988 yıllarında iki ayrı lokasyonda, İspanya'nın kuzeybatı bölgesine ait iki yerel populasyonla (Ribadumia ve Tuy) yapmış oldukları çalışmada agronomik açıdan 14 önemli morfolojik özellik incelemişlerdir. Bitki boyu, koçan yüksekliği, koçan boyu, yaprak sayısı, koçanda sıra sayısı, verim v.b.

morfolojik özelliklerin incelendiği bu çalışmada; özelliklerin değişim aralığı, ortalaması ve varyasyon katsayılarını belirlemişlerdir. Her iki populasyonun varyasyon katsayılarının benzer olduğunu ve en yüksek varyasyon katsayısının verime (% 21) en düşük varyasyon katsayısının ise çiçeklenmeye (% 2) ait olduğunu bulmuşlardır. Populasyonların benzer genetik yapı gösterdikleri ve populasyonlar arasında küçük farklılıkların ortaya çıktığını bildirmişlerdir.

Azar ve ark.(1997), 1993 ve 1994 yıllarında Kanada'nın Ontario bölgesine ait 35 yerel populasyonla iki lokasyonda karakterizasyon çalışması yapmışlardır. Dane özellikleri ve koçan özelliklerinin yanında, 100 dane ağırlığı, tepe püskülü çıkarma süresi, bitki boyu, koçan yüksekliği, yaprak sayısı ve verim gibi 24 özellik incelemişlerdir. Her iki lokasyonda da dane verimi, koçan sayısı ve tepe püskülü çıkarma süresi için populasyonlar arası önemli derece varyasyon olduğunu bildirmişlerdir. Bunun yanında, Koçan uzunluğunun ortalama 17.7 cm olduğu ve 14.8 cm ile 20.7 cm, koçan kalınlığının ortalama 35 mm olduğu ve 32.3 ile 37.4 mm, bitki boyunun ortalama 247.1 olduğu ve 215 ile 274 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Bitki boyunun ve koçan yüksekliğinin populasyonlar arasında önemli derecede varyasyon gösterdiği, yaprak sayısının ise düşük varyasyon gösterdiğini bulmuşlardır. Yaptıkları kümeleme analizine göre oluşan dendogramın yerel populasyonları 10 gruba ayrıldığını bildirmişlerdir.

Louette ve Smale (2000), Meksika'nın Cuazalpa bölgesinde çiftçilerin yetiştirmekte oldukları yerel populasyonların, bir sonraki yıl için oluşturdukları tohumluk seleksiyon kriterlerini belirlemek ve varolan yerel populasyonların morfolojik olarak tanımlanması için çalışma yapmışlardır. Bu çalışmayı, iki ayrı varyete, aynı bölgede ve çiftçi tarlasında oluşacak şekilde gerçekleştirmişlerdir. Her populasyon için 1500 bitki etiketlemişler ve tüm verileri bu bitkiler üzerinden oluşacak şekilde incelemişlerdir. Populasyonları tanımlamak açısından bitki boyu, koçan yüksekliği, sap kalınlığı, koçan uzunluğu ve kalınlığı, koçanda sıra sayısı v.b 13 özellik incelemişlerdir. Selekte edilen koçanların ait olduğu bitkilerden alınan (koçan yüksekliği/bitki boyu oranı ve tohum genişliği özellikleri hariç) tüm özelliklere ait verilerin populasyondan önemli derecede yüksek olduğunu bildirmişlerdir. Çalışma sonucunda çiftçilerin yerel populasyonları koçan seçme

yoluyla (mass seksiyonunu) elde ettiklerini ve her bir çiftçinin bu işi ortalama 25 generasyon gerçekleştirdiğini ortaya çıkarmışlardır.

Rebourg ve ark. (2001), Fransa'nın INRA araştırma merkezinde, Avrupa'nın geleneksel 130 yerel mısır popülasyonlarıyla yapmış oldukları çalışmada 19 morfolojik özellik incelemişler ve 29 RFLP lokusu kullanarak moleküler analiz yapmışlardır. Yaptıkları morfolojik analiz sonucunda, erkenciliğin, bitki boyunun, tepe püskülü özelliklerinin, koçan ve dane özelliklerinin yüksek varyasyon gösterdiğini bulmuşlardır. Dane yapısı ve sömek renginin ise çok az varyasyon gösterdiğini ve birçok özelliğin yüksek kalıtım derecesine (>0.60) sahip olduğunu saptamışlardır. Popülasyonlara ait ortalama bitki boyunun 164 cm (değişim aralığı 82- 206cm), koçan yüksekliğinin 72.9 cm (değişim aralığı 20-120 cm), koçan boyunun ortalama 138.4 mm (değişim aralığı 86-179 mm) ve koçan kalınlığını 38 mm (değişim aralığı 23-49.8 mm) olduğunu bildirmişlerdir. Genetik çeşitliliğin (H_e) 0.55 olduğunu bulmuşlardır. Moleküler veriler ile morfolojik verilerin birbirini desteklediğini ve oluşan dendogramın Kuzey ve Güney Avrupa popülasyonlarını ayırdığını ortaya çıkarmışlardır.

Ruiz de Galarreta ve Alvarez (2001) İspanya'nın kuzeyine ait 100 yerel popülasyonda 22 morfolojik özellik ve yerel popülasyonların toplandığı bölgenin 17 ekolojik değişkenini (topoğrafik, iklimsel ve toprak yapısı) kullanarak karakterizasyon çalışması yapmışlardır. Yaptıkları bu çalışmada popülasyonlara ait ortalama bitki boyunun 189 cm (değişim aralığı 102-324 cm), yaprak sayısının 10.2 (değişim aralığı 6-15), koçan yüksekliğinin 67 cm (17-149 cm), yaprak alanının 555 cm² (değişim aralığı 110-1112 cm²), koçan uzunluğunun 14.8 cm (değişim aralığı 7-24 cm) ve koçan kalınlığının 44 mm (değişim aralığı 28-68 mm) olduğunu bildirmişlerdir. İnceledikleri tüm özelliklerin özellikle bitki boyu, koçan uzunluğu, koçan sıra sayısı ve dane veriminin yüksek oranda varyasyon gösterdiğini, ama en büyük varyasyonun yaprak alanında saptandığını bildirmişlerdir. Yaptıkları kümeleme analizine göre popülasyonlar 7 ayrı gruba ayrılmış ve bu popülasyonların bitki ıslahı açısından gelecek vadede materyaller olabileceği görüşüne varmışlardır.

İlarslan ve ark., (2002) 1995 yılında Amerika'da USDA (United States Department of Agriculture)' a ait gen bankasından temin ettikleri Türkiye'nin farklı

bölgelerine ait 9 patlak, 15 sert ve 8 atdışı mısır yerel popülasyonu ile yapmış oldukları morfolojik çalışmada 25 özellik incelemişlerdir. İnceledikleri morfolojik özelliklerden, özellikle vejetatif, koçan ve dane özelliklerinin önemli derecede varyasyon gösterdiğini bildirmişlerdir. Buna ek olarak, mısır tipleri (patlak, sert ve atdışı mısır popülasyonları) arasında ve popülasyonların kendi içinde varyasyonun istatistiki olarak önemli olduğunu bulmuşlardır.

Beyene ve ark., (2005) Etiyopya'nın taban arazilerine adapte olmuş 62 yerel mısır popülasyonunda, 15 morfolojik özelliğin yanında moleküler düzeyde, 8 AFLP primer kombinasyonu ve 20 SSR lokusunu kullanarak genetik çeşitliliği araştırmışlar ve kullanılan metotları karşılaştırmışlardır. Popülasyonlar arasında incelenen tüm özellikler (tepe püskülü çıkarma süresi, bitki boyu, koçan yüksekliği, yaprak boyu, yaprak genişliği, yaprak sayısı, olgunlaşma süresi, koçan kalınlığı, koçan uzunluğu, koçanda sıra sayısı, sırada tane sayısı ve verim) bakımından önemli derecede fark bulmuşlardır. 8 AFLP primer kombinasyonunun toplam 650 bant ve ortalama 81.25 bant elde etmişlerdir. SSR lokuslarında toplam 98 allel ve ortalama 4.9 allel elde etmişlerdir. SSR lokuslarının tamamının, AFLP lokuslarının ise % 89.5'inin polimorfik olduğunu bildirmişlerdir. SSR lokuslarının PIC (Polymorphism Information Content) değeri 0.06 ile 0.76 arasında değişim gösterdiğini ve ortalama PIC değerinin ise 0.61 olduğunu saptamışlardır. Moleküler ve morfolojik verilerin kümeleme analizinde popülasyonların 3 gruba ayırdığını bildirmişlerdir.

Pinheiro de Carvalho ve ark. (2008) Tarımsal uygulamaların hala geleneksel olarak devam ettiği Portekiz'in Madeira Adası'na ait 43 açık tozlanan yerel mısır popülasyonlarının karakterizasyonunu belirlemek amacıyla 41 morfolojik özellik incelemişlerdir. Yaptıkları morfolojik analiz sonucunda, özellikle bitki boyu, koçan uzunluğu, koçanda sıra sayısı, 1000 dane ağırlığı ve dane hacmi gibi, incelenen özelliklerin çok büyük varyasyon gösterdiğini bildirmişlerdir. Yaptıkları PCA (Principal Components Analysis) ve PCO (Principal Coordinates Ordination) analizlerinin açık tozlanan yerel mısır popülasyonlarını 4 gruba ayırdığını bulmuşlardır. Bu popülasyonların coğrafik izolasyon, çevresel değişkenler, toprak ve

tarım koşulları nedeniyle bitki genetik kaynakları bakımından önemli olduğunu bildirmişlerdir.

2. 4. Moleküler Markörler ve Mısır

Populasyonların sahip olduğu genetik çeşitlilik, morfolojik ve agronomik değerlendirilme sonucu ortaya çıkan eksiklikleri, daha çok biyokimyasal markörler giderilebilir. Bu markörler, özellikle izoenzimler, populasyonların genetik kompozisyonu ve bitki populasyonlarının genetik yapısının evrimsel süreçteki biçimlenmesi hakkında oldukça kullanışlıdır. Mısır bitkisinde genetik markör olarak izoenzimler, nispeten ucuz (Stuber ve ark., 1988; Smith, 1989) olması nedeniyle geniş bir şekilde kullanılmıştır. Kodominant markör olduğundan dolayı genetik analizler için oldukça kullanışlıdır. Ne yazık ki, polimorfizm oranının düşük olması, bu biokimyasal markörün kullanım alanını kısıtlamıştır. Bununla birlikte, mısırdaki izoenzimler kullanılarak yapılmış bir çok genetik çeşitlilik çalışması mevcuttur (Goodman ve Stuber, 1983; Pflüger ve Schlatter, 1996; Sanau ve ark., 1997; Revilla ve ark., 1998). Bunun dışında bitki populasyonlarının karakterizasyonu için kullanılan birçok biyokimyasal işaretleyiciler vardır. Bunlar; 1) Fenoller, alkaloidler ve protein olmayan aminoasitleri içerisine alan biyokimyasal bileşikler 2) Enzim ve depo proteinleri ve 3) DNA markörleri (Pérez de la Vega, 1993).

Bitki DNA polimorfizm analizleri; gen kaynakları ve genetik benzerlikleri araştırmak ve nitelendirmek için güçlü bir araçtır (Powell ve ark.,1996). Son 20 yıldan beri çok farklı moleküler markör tekniği geliştirilmiş olup bunlardan bazıları RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNAs), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphisms), SSR (Simple Sequence Repeats) ve SNP (Single Nucleotide Polymorphism)'dır. Bu markörler birçok bitki türünde başarıyla kullanılmıştır. Moleküler markörler çevresel faktörlerden etkilenmemeleri nedeniyle morfoloji ve pedigrî bilgileriyle kıyaslandığında, genetik kaynaklarda çeşitliliği belirlemek için oldukça yararlı araçlardır. Bir moleküler markör, kalıtımı güvenilir şekilde belirlenebilen, bir protein ve DNA değişkenidir (Jones ve ark., 1997). Pedigrî ve morfolojik bilgilerle

kıyaslandığında, moleküler markörler genotipler arasındaki farklılıkları, gen kaynaklarının korunması ve kullanımı için DNA düzeyinde doğrudan güvenilir ve etkili bir araç olarak ortaya koyar. Sonuç olarak, araştırmacılar moleküler markörleri kullanarak genetik çeşitlilik çalışmalarında birçok bitkiye adapte etmişlerdir.

RFLP analizleri, dizilim seviyesinde varyasyonu belirlemek için kullanılan ilk tekniklerden biridir. RFLP homozigot ve heterozigot bireylerin ayırt edebilen bir ko-dominant markör sistemidir (Helentjaris ve ark., 1985). RFLP, mısır bitkisinde saf hatların pedigri ilişkilerini araştırmak ve bunları heterotik gruplara ayırmak için (Melchinger, 1993; Dubreuil ve ark., 1996), genetik çeşitlilik ve ilişkileri ortaya koymak için (Pejic ve ark., 1998; Rebourg ve ark., 2001; Gauthier ve ark., 2002) ve genetik haritaların oluşturulması için kullanılmıştır (Helentjaris ve ark. 1986; Gardiner ve ark., 1993; Coe ve ark. 1995).

Warburton ve ark. (2005) CMMYT tarafından geliştirilen ve genetik olarak farklılık gösteren 218 saf mısır hattını 32 RFLP markörünü kullanarak; 1) var olan genetik çeşitliliği ortaya koymak, 2) markör verileri yoluyla kümeleme analizi yapmak ve potansiyel heterotik gruplarını oluşturmak ve 3) her heterotik grup içindeki en iyi temsil edebilecek test ediciyi belirlemek için analiz yapmışlar ve yüksek oranda allelik varyasyon bulmuşlardır. Yaptıkları kümeleme analizi sonucunda mısır hatları, ne fenotipe, ne çevresel adaptasyona ne dane tipi ya da rengine veya olgunlaşmaya göre gruplara ayrılmadığını bildirmişlerdir. Ancak RFLP DNA analizinde fazla miktarda DNA'ya ihtiyaç duyulması ve uygulama açısından zorluğu gibi dezavantajları söz konusu olduğunu bildirmişlerdir. Sonuç olarak, PCR'a dayalı RAPD, AFLPs ve SSR gibi markör sistemleri, gittikçe artan bir şekilde RFLP'nin yerini almaktadır (Jones ve ark. 1997). Çünkü bu sistemler her bireyde sınırsız sayıda markör analiz yapmayı mümkün kılmaktadır.

RAPD teknolojisi, varyasyonu ortaya çıkaran başka bir DNA analiz yöntemidir. PCR'a dayalı bu teknik ne DNA klonlama ne de DNA dizilim bilgisi gerektirir. Kısa 8-12 baz çiftlik olan, rast gele primer dizisi, DNA'nın çoğaltılması için kullanılır ve genellikle polimorfizm varlığı veya yokluğu ile sonuçlanır. Parentoni ve ark. (2001), 28 açık tozlanan mısır populasyonlarında RAPD markörü kullanarak yapmış oldukları çalışmada, morfolojik ve RAPD markörü ile yapılan

dendogramların birbirine benzediğini bulmuşlardır. Aynı zamanda yazarlar ‘sert’ ve ‘yarı sert’ ile ‘atdışi’ ve ‘yarı atdışi’ genotiplerinin ayrı iki grupta yer aldığını bildirmişlerdir.

Lanza ve ark. (1997) S₃ generasyonunda bulunan 18 saf mısır hattında, RAPD markörünü kullanarak, genetik uzaklığı ve buna bağlı olarak hibrid performansını araştırmışlardır. 32 RAPD primerinin kullanıldığı bu çalışmada toplam 325 tekrarlanabilir band elde edilmiş ve bunlardan 262’sinin polimorfik olduğunu rapor etmişlerdir. Genetik farklılık, Jaccard benzerlik katsayısı kullanılarak, dendogram ise UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetical averages) metodu kullanılarak oluşturmuşlardır. Oluşan dendogram sonucunda saf hatlar 3 farklı gruba (G-I, G-II ve G-III) ayrılmıştır. Ayrılan grupları birbirleriyle melezleme kombinasyonuna (G-I x G-II, G-I x G-III ve G-II x G-III) tabi tutmuşlardır. RAPD tekniğinin, genetik çeşitliliği belirleme, saf hatları farklı gruplara ayırma ve melezleme kombinasyon sayısını azaltmak için kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Valdemar ve ark.(2004) Brezilyanın güneyindeki çiftçilerden sağlanan 79 yerel populasyon ve 2 çeşitle yapmış oldukları çalışmada, 212 RAPD primeri ve 6 morfolojik özelliği kullanarak genetik çeşitliliği araştırmışlardır. 212 RAPD primerinden, 180 (% 85) primerin monomorfik yada tekrar edilemeyen bandlar oluşturduğu, geriye kalan 32 RAPD primerinin güvenilir ve polimorfik bandlar oluşturduğunu bildirmişlerdir. 184’ü (% 72.2) polimorfik olmak üzere toplam 255 band elde etmişlerdir. Moleküler veriler yerel populasyonları iki ana gruba ayırmış ve morfolojik özelliklerden dane renginin bunu desteklediğini bildirmişlerdir.

Moeller ve Schaal (1999), 15 yerel Amerikan mısır populasyonunu RAPD markör yöntemiyle, 11 primer analiz ederek genetik varyasyonu çalışmışlar ve ortalama polimorfizmi % 70.7 bulmuşlardır. RAPD tekniği; ucuz, kolay uygulanabilen ve kısa sürede sonuç alınabilen bir teknik olmasına rağmen, güvenilir sonuçlar vermemesi ve sonuçların laboratuvarından laboratuvara değişmesinden dolayı kullanılması fazla arzu edilen bir yöntem olmadığı birçok araştırmacı tarafından rapor edilmiştir (Pejic ve ark., 1998).

AFLP tekniği, RFLP tekniğinin kesme-tanıma kısımlarının PCR ile çoğaltılmasına dayalı bir DNA markör tekniğidir. Markörlerle kombine edilmiş bir

yöntemdir. AFLP tekniği yine PCR'a dayalı tekniklerdendir. AFLP tekniği ile aynı anda 30-40 allel incelenebildiği için oldukça kullanışlı bir tekniktir (Vos ve ark., 1995). AFLP tekniğinin bir diğer avantajı da DNA baz dizilim bilgisine ihtiyaç duyulmamasıdır. Ancak AFLP ve RAPD bir dominant markör olduğundan dolayı heterozigotların, homozigotlardan DNA seviyesinde tanımlanmasını sağlayamazlar. Bu durum AFLP ve RAPD yöntemlerini ko-dominant markörlerden (RFLP ve SSR markörleri) daha az bilgilendirici yapar.

Oliveira ve ark. (2004), iki farklı orijinli toplam 96 tropik saf hattın genetik ilişkilerini belirlemek amacıyla AFLP tekniğini kullandıkları bu çalışmada; 9 primer çiftini analiz etmişlerdir. Primer başına polimorfik band sayısı 42 ile 98 arasında değişmiş olup, toplam 638 band elde edildiğini ve bununda 569'nun polimorfik olduğunu bildirmişlerdir. Polimorfizm oranının % 84.12 ile 98.11 arasında ve ortalama % 89.15 olduğunu bildirmişlerdir. Araştırmacılar genetik benzerlik katsayısının 0.345 den 0.891 arasında değişim gösterdiğini ve ortalama olarak da 0.543 olduğunu bildirerek, AFLP tekniğinin genetik çeşitliliği ortaya çıkarmada güçlü bir DNA markörü olduğunu rapor etmişlerdir.

AFLP moleküler tekniğini mısırdaki, kullanarak genetik çeşitlilik ve verim için melez performansı arasındaki ilişkiyi araştırmak (Ajmone- Marsan ve ark., 1998; Melchinger ve ark., 1998), saf hatların genetik yakınlığını çalışmak (Pejic ve ark., 1998; Lubberstedt ve ark. 2000; Vuylsteke ve ark., 2000b), hibrid performansının ve heterosisin bulunduğu kromozomal bölgelerin tanımlanması(Vuylsteke ve ark., 2000a) ve genetik bağlılık (linkage) haritalarının oluşturulması (Vuylsteke ve ark., 1999) gibi bir çok çalışmada kullanılmışlardır.

Basit tekrarlı diziler ve SSR (Simple Sequence Repeats) olarak bilinen mikrosatelit DNA markörlerinin yüksek derecede polimorfizm gösterdiği ilk kez soya bitkisinde gösterilmiştir (Akkaya ve ark., 1992). Bunlar, çoğunlukla ökaryotik türlerin genomlarında ard arda tekrarlanan ikili, üçlü, dördü ve beşli nükleotid küme dizileri halindeki DNA uzantılarıdır. Örneğin (AT)_n; (GC)_n; (CA)_n; (ATT)_n ve (AGC)_n; gibi. Bu tekrarlar bireyden bireye farklılıklar gösterir ve tekrar sayısı "n"deki değişimler; aynı lokusta, genotipler arasında farklı uzunlukta PCR ürünlerine yol açar.

Mikrosatellitler ko-dominant kalıtım özelliği göstermeleri (Beckmann ve Soller, 1990), lokusa özgü olmaları (Condit ve Hubbel, 1991; Röder ve ark.,1995), genom içinde düzgün yayılım göstermeleri (Liu ve ark., 1996; Taramino ve Tingey, 1996; Röder ve ark.,1998) ve genom hakkında diğer moleküler markörlere göre daha fazla bilgi vermeleri yanında PCR'a dayalı bir teknik olmasından dolayı çok arzu edilen ve bir çok bitki türünde kullanılan bir DNA markörüdür. Mikrosatellit DNA işaretleyici tekniği mısır (Senior ve Heun, 1993), soya (*Glycine max* L.) (Akkaya ve ark., 1992; Cregan ve ark., 1999), Kolza (*Brassica napus* L.) (Poulsen ve ark., 1993; Kresovich ve ark., 1995), çeltik (*Oryza sativa* L.) (Wu ve Tanksley, 1993; Zhao ve Kochert, 1993) arpa (*Hordeum vulgare*) (Saghai-Maroofo ve ark., 1994) ve buğday (*Triticum aestivum*) (Röder ve ark., 1998) türlerinde başarıyla uygulanmıştır. Tüm bu bitkilerde yapılan çalışmalar göstermiştir ki polimorfik düzeyi diğer DNA markörlerinden çok yüksektir.

Genetik çeşitliliğin saptanmasında birçok moleküler işaretleyicisi kullanılmasına rağmen, mikrosatellit (SSR) moleküler işaretleyicisi mısır bitkisinde çalışılan populasyonlar hakkında daha detaylı bilgi verdiği için tercih edilmektedir (Matsuoka ve ark., 2002a). Mikrosatellit (SSR) moleküler işaretleyicisi mısır bitkisinde bağlılık ve QTL haritalarının çıkarılması (Ragot ve ark., 1999), genetik çeşitliliğin saptanması (Chin ve ark., 1996; Senior ve ark., 1998; Grenier ve ark., 2000; Lu ve Bernardo, 2001; Gethi ve ark., 2002) ve mısır bitkisinin evrimi (Matsuoka ve ark. 2002b) üzerinde yapılan çalışmalarda yoğun olarak kullanılmıştır.

Warburton ve ark. (2002), 7 populasyon ve 57 saf mısır hattında, SSR tekniği kullanarak yaptıkları moleküler karakterizasyon çalışmasında, 85 SSR dan saf mısır hatlarında ortalama 4.9 ve toplam 416 band, populasyonlarda ise ortalama 6.3 ve toplam 531 band elde etmişlerdir. PIC değerinin 0.46 ile 0.85 arasında değişim gösterdiğini bulmuşlardır. 85 SSR içinde 53 adedinin mısır genotiplerinde parmak izlerini çıkarmada kullanılabileceğini bildirmişlerdir. Yaptıkları kümeleme analizinde populasyonların 3 gruba ayrıldığını ve buna ilave olarak, populasyon içi genetik varyasyonun populasyonlar arasındakinden daha yüksek olduğunu rapor etmişlerdir.

Kozhukhova ve Sivola (2004), 17 tek melez ve 23 saf mısır hattında 10 SSR primeri kullanarak parmak izi çalışması yapmışlardır. Yaptıkları PCR analizlerinde kullanılan lokusların genotipleri ayırmak açısından yeterince bilgi verici olduklarını bildirmişlerdir. SSR lokuslarından elde ettikleri allel sayısının 2 ile 5 arasında değişim gösterdiğini, ortalama allel sayısının ise 2.8 olduğunu bulmuşlardır. Gen çeşitliliği (*He* değeri) 0.40 ile 0.70 arasında değişim gösterdiğini, ortalamanın ise 0.53 olduğunu saptamışlardır. SSR analizinin, tekli melezler arasında her lokusta heterozigotluğu ortaya çıkardığından ebeveynlerin tanımlanmasında ve mısır genotiplerinin kataloglanması, korunması ve ıslahta kullanılması açısından etkili bir yöntem olduğunu bildirmişlerdir.

Senior ve ark., (1998) farklı iki orijinli (Mısır Kuşağı Bölgesi ve Güney Mısır Kuşağı Irkları) 94 kendilenmiş mısır hattıyla genetik çeşitliliği araştırdıkları bu çalışmada 70 SSR primeri (mısır genomuna iyice dağılmış şekilde) kullanmışlardır. PCR ürünlerini yüksek çözünürlü agaroz jele yükleyip yatay elektroforez yaparak gerçekleştirmişlerdir. Allel sayısının 2 ile 23 arasında değişim gösterdiğini, lokus başına düşen ortalama allel sayısının 5 olduğunu ve toplam allel sayısının ise 365 olduğunu bildirmişlerdir. SSR lokusları için PIC değerinin 0.17 den 0.92 ye kadar değişim gösterdiğini, ortalama PIC değerinin 0.59 olduğunu, allel büyüklüğünün ise 74 bp (baz çifti) ile 266 bp arasında değiştiğini saptamışlardır. Çalıştıkları materyalde, bilinen pedigrilerle genetik uzaklığın uygunluk gösterdiğini bulmuşlardır.

Le Clerck ve ark., (2005) Fransa’da 50 yıldır yetiştirilmekte olan 123 (tek, çift ve üçlü melez) mısır çeşidi ve 10 popülasyonda, 51 SSR markörü kullanarak parmak izi çıkarmışlardır. Çalışmada kullandıkları çeşitleri 4 guruba ayırıp (1975 öncesi, 1976-1985 arası, 1985-1995 arası ve 1996 sonrası çeşitler), allelik zenginlik, genetik çeşitlilik ve genetik farklılıkları bakımından, her grubu kendi içinde değerlendirmişlerdir. Toplam 239 allel bulmuşlar ve her grubun lokus başına düşen allel sayısının sırasıyla 4.5, 3.6, 3.9 ve 3.6 olduğunu bildirmişlerdir. Gen çeşitliliğinin (*He*) 0.56’dan 0.61 değişim gösterdiğini ve ortalama gen çeşitliliğinin 0.59 olduğunu bildirmişlerdir. En yüksek genetik çeşitliliğin 1975 öncesi çeşitlerden elde edildiğini, diğer üç grubun birbirine benzerlik gösterdiğini kaydetmişlerdir.

Mısır çeşitlerinin genetik çeşitliliklerini giderek kaybettikleri ve var olan çeşitlerin genetik tabanın birbirine yaklaştığı sonucuna varmışlardır.

Laborda ve ark., (2005) yapmış oldukları bir çalışmada 85 tropik kökenli mısır saf hattında SSR primeri kullanarak, bu hatların parmak izini çıkarmışlardır. SSR lokuslarını genomu en iyi şekilde temsil edecek biçimde mısır kromozomlarının 10'una dağılmış bir şekilde uygulamışlardır. Toplam 262 band ve ortalama 5.2 allel bulmuşlardır. SSR için PIC değeri 0.24 ile 0.90 arasında bulunurken ortalama PIC değerini 0.61 olarak bulmuşlardır. Bu markör tekniklerini kullanarak hatlar arasında çeşitliliğin önemli ve polimorfizmin yüksek olduğunu ortaya koymuşlardır. Kümeleme analizini kullanarak grupları ve alt grupları belirlemeye çalışmışlar fakat iyi ayrılmış bir grup oluşturamamışlar ve 3 farklı genetik uzaklık katsayısını (Jaccard, değiştirilmiş Roger ve moleküler coancestry katsayısı) kullanarak elde ettikleri gruplarla yine aynı sonucu bulmuşlardır. Farklı araştırmacılar tarafından geliştirilen genetik uzaklık ve genetik yakınlığın hesaplanmasında kullanılan hesap yöntemlerinin kümeleme analiz sonuçlarını etkilemediğini bulmuşlar, fakat farklı DNA markör yöntemlerinin genetik benzerliği hesaplamada büyük bir etkiye sahip olduğunu vurgulamışlardır.

Enoki ve ark., (2005) Japonya'nın soğuk bölgelerine adapte olmuş 88 atdışi ve sert mısır saf hattında, daha önce Avrupa mısır saf hatlarında kullanılmış ve sonuç alınmış 60 SSR markörünü kullanarak genetik benzerliği araştırmışlardır. Bunun yanında atdışi ve sert mısır tipleri arasında farklı allel frekansına sahip SSR lokuslarını iki sete ayırıp birinci sette 25 (allel frekansı=0,4) ikinci sette 14 locus (allel frekansı=0,5) kullanarak çalışmayı yapmışlardır. Set-1 ve Set-2 SSR lokuslarını 88 saf hatta uygulayarak sırasıyla toplam 176 ve 99 allel elde etmişlerdir. Set-1 SSR lokuslarının ful set (60 SSR lokusu) SSR lokusuyla benzer doğrulukta sonuç elde etmişler ve bu sette var olan SSR lokuslarının mısır ıslahında etkili bir şekilde kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Reif ve ark. (2005), Almanya'da melez mısırın gelişmesinde önemli rol oynayan Merkez Avrupa'nın 5 sert mısır popülasyonunu SSR markörüne dayalı genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla 55 SSR markörü kullanarak DNA'ları hem bulk hem de tek bitki halinde analiz yapmışlar ve analizlerinde 30 bitkinin DNA'sını

kullanmışlardır. Populasyon içi genetik çeşitlilikte, lokus başına allel sayısını tek bitkide 5.9, bulk DNA’da ise 3.2 bulmuşlardır. Bulk DNA analizinde, tek bitki analizinde saptanabilen allellerin % 83’ünün saptanamadığını bildirmişlerdir. Bütün populasyonlarda saptanan SSR lokuslarının % 46.7’sinin Hardy Weinberg Denge yasasından önemli derecede saptığı ve %97 oranında homozigotluk gösterdiğini saptamışlardır. SSR analizlerinin genetik kaynakların moleküler karakterizasyonu için çok uygun olduğunu bildirmişlerdir.

Beyene ve ark. (2006), Etiyopya’nın 62 mısır populasyonunda 20 SSR markörü ve 15 morfolojik özellik kullanarak populasyonlar arası ilişkiler, genetik çeşitlilik, genotip ve fenotip uzaklık arasındaki korelasyon düzeyini belirlemek için çalışma yapmışlar ve yapmış oldukları bu çalışmada SSR lokusu başına ortalama allel sayısını 4.9 olarak belirlemişlerdir. Kullanmış oldukları Ward Minimum Varyans Kümeleme analiziyle Kuzey agroekolojik bölgesinden toplanan mısır populasyonları ile Güney ve Batı agroekolojik bölgesinden toplananların farklı olduğunu bulmuşlardır. Ancak güney ve batı bölgelerine ait populasyonlar arasında fark olmadığı ortaya çıkmış ve bu durumun iki bölge arasında gen akışının söz konusu olduğu sonucuna ulaşmışlardır. Morfolojik ve SSR’a dayalı uzaklık arasındaki ilişkinin ($r = 0.43$ $p=0.001$) pozitif ve önemli olduğunu bildirmişlerdir.

SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms- Tek nükleotid polimorfizmleri)- iki farklı birey arasında genomda tek bir nükleotid değiştiğinde açığa çıkan DNA dizi varyasyonlarıdır (örneğin, AAGGGCTAA’dan ATGGCTAA’ya değişimi). SNP’lerin genomun her kısmında bulunmaları, mikro-array yöntemiyle 100’lerce SNP lokusunun (her örnek için) düşük maliyetle otomatik olarak skorlanabilmesi nedeniyle artan bir şekilde önemli markör sınıfından olmaktadır. Bu teknik mısır genotipleri arasında var olan ilişki hakkında önemli bilgilerin hızlı üretimine izin verebilmektedir.

Seçilecek markör sistemi çalışılacak konunun amacına, laboratuvarında var olan olanaklara bağlıdır. Bu tekniklerin avantaj ve dez avantajları Çizelge.2.1’de özetlenmiştir.

Çizelge.2.1.Bitki Islahında En Çok Kullanılan Markör Sistemlerinin Karşılaştırılması

Özellikleri	RFLP	RAPD	AFLP	SSR	SNP
DNA İhtiyacı (µg)	10	0.02	0.5-1.0	0.05	0.05
DNA Kalitesi	Yüksek	Yüksek	Orta	Orta	Yüksek
PCR'a Dayanması	Hayır	Evet	Evet	Evet	Evet
Polimorfizm Düzeyi	Yüksek	Orta	Yüksek	Çok yüksek	Çok Yüksek
Kullanım Kolaylığı	Kolay Değil	Kolay	Kolay	Kolay	Kolay
Otomasyona Uygunluk	Düşük	Orta	Yüksek	Yüksek	Yüksek
Tekrarlanabilirliği	Yüksek	Güvenilir değil	Yüksek	Yüksek	Yüksek
Gelişme Maliyeti	Düşük	Düşük	Orta	Yüksek	Yüksek
Analiz Başına Maliyet	Yüksek	Düşük	Orta	Düşük	Düşük

Kaynak: (Beyene, 2005)

2.5. Kantitatif Özellik Lokusları (QTL), Bulk Segregant Analizi (BSA) ve Mısır

Verim ve verim bileşenleri (dane sayısı, dane ağırlığı, bitki boyu, çiçeklenme süresi, olgunlaşma süresi v.b.) ölçüm ve tartımla ifade edilen, kesin sınırlara ayırmanın mümkün olmadığı, sürekli dağılış gösteren ve fazla sayıda genin etkili olduğu özelliklerdir. Bu genlerden her birinin, agronomik özellik üzerinde olumlu veya olumsuz etkileri söz konusudur. Söz konusu genlerin bulunduğu lokuslara kantitatif özellik lokusu (QTL-Quantitative Trait Loci) denir. Kantitatif özellik lokusları mısır ıslahının odaklandığı konudur. Basit kalıtıma sahip özellikler için, ebeveynler arasındaki bir fark, bir veya iki gen döller arasındaki farklılığı neredeyse % 100 açıklayabilir. Ancak, verim, kalite ve bitki boyu gibi tarımsal açıdan önemli özellikler genotipler arasında sürekli varyasyon gösterirler. Çünkü bu özellikler çevresel etmenlerden kolay etkilenirler. Bu özelliklerin kontrolü tek genle yönetilen özelliklerden çok daha zordur (Tanksley ve ark., 1989). Mısırdaki bir çok kantitatif özellik alışlagelmiş biyometrik uygulamalar kullanılarak geniş bir şekilde araştırılmıştır (Hallauer ve Miranda, 1988). DNA markör teknolojilerindeki ilerlemeler ve bunu takip eden moleküler bağlılık haritalamalarındaki gelişmeler,

kantitatif özellik lokuslarının tanımlanmasını mümkün kılmıştır (Tanksley, 1993, Dudley 1993).

Moleküler markörler, bitki ıslahçısına kompleks agronomik özelliklerin durumunu genetik olarak haritalama ve bu genlerin yerlerinin bilinmesine/saptanmasına izin verir. Haritalama, markörleri sıraya koymak ve aralarında nispi genetik uzaklığı belirlemek, rekombinasyon değerleri üzerinden linkage gruplarını belirlemektir (Jones ve ark., 1997). Genetik haritalama; önemli genlerin etkili kullanımı, QTL'in bulunması, karşılaştırmalı haritalama, kromozom katlanmalarının belirlenmesi ve markırlara dayalı seleksiyon için şarttır. Mısır bitkisinde RFLP (Helentjaris ve ark., 1986; Gardiner ve ark., 1993; Coe ve ark., 1995; Lee ve ark., 2002), AFLP (Vuylsteke ve ark., 1999) ve SSR (Sharopova ve ark., 2002) markır teknikleri kullanılarak genetik bağlantı haritaları çıkarılmıştır. Bu haritalar, mısır genomunda basit karakterlere ait genlerin ve QTL bölgelerinin belirlenmesini mümkün kılar.

Klasik QTL belirleme yöntemine alternatif olabilen daha ucuz ve daha hızlı bir başka yöntem ise bulk segregant analizidir (Michelmore ve ark., 1991). Bulk Segregant Analizine başlamak için gerekli olan ilk şey üzerinde çalışılacak iki farklı anaçın seçilmesi ve bunların melezlemesidir. Melezleme sonucunda F1 ve buradan F2 bitkileri, double haploid hatlar veya rekombinant hatlar elde edilebilmektedir. Michelmore ve ark. (1991), yapmış oldukları ilk çalışmada F2 generasyonunda RAPD moleküler markörünü kullanarak küllleme hastalığına karşı bir dayanıklılık geni bulmuşlardır. Bunun yanında, bu melezleme popülasyonunu kullanarak double haploidler ve rekombinant hatların da ileriye dönük çalışmalarda geliştirilerek kullanılabileceğini bildirmişlerdir. BSA' de sonuca ulaşabilmek için çalışılacak materyalin özellikler bakımından birbirinden tamamen farklı olması gerekmektedir (örneğin dayanıklı ve hassas bireylerden oluşan iki grup). BSA farklı iki bireyin melezlenmesi sonucu açılmakta olan bir popülasyon ya da mısır bitkisinde olduğu gibi, açık tozlanan komposit popülasyonlar gibi genetik olarak farklı bireylerden oluşan materyaller üzerinde kullanılabilir. Mısır bitkisinde çiçeklenme zamanı ve verim için QTL 'in tanımlanmasında BSA etkili bir şekilde kullanılmıştır (Tuberosa ve ark., 1998; Quarrie ve ark, 1999). Ancak, BSA analizin temel kusuru

QTL'in polimorfik markörden uzaklığı hakkında bilgi vermemektedir. Bu nedenle BSA 'dan elde edilmiş markörler standart uygulamalarla haritalanmalıdırlar. Örneğin, Quarrie ve ark, (1999) kompozit populasyonlarından seçilen, kuraklığa dayanıklı bir saf hatla hassas bir saf hattın melezlenmesi sonucu oluşan F₂ populasyonlarında BSA yöntemini kullanarak, mısırdaki kuraklık koşulları altında verimi çalışmışlardır. BSA yönteminin alternatif bir yöntem olduğunu ve gelecekte bu yöntemin bitki fizyologlarına önemli derecede yardımcı olacağını rapor etmişlerdir.

Klasik bitki ıslahı, çevresel koşullara oldukça bağımlı olduğundan dolayı zaman almaktadır. Bitki türüne göre değişmekle beraber bir çeşidin ıslah edilebilmesi yaklaşık 8 ile 12 yıl sürmektedir. Bundan dolayı, bitki ıslahçıları bu süreci daha etkili kılmak için yeni teknolojilere başvurmuşlardır. Moleküler markörlerin kullanılmasıyla elde edilen genetik bilgiye dayanılarak yapılan seleksiyona, markörlere dayalı seleksiyon (MAS) denir.

MAS, kantitatif özelliklerin seleksiyonunu kolaylaştırır. Bunun başlıca nedenleri; 1) DNA markörleri, bitki daha fide dönemindeyken analiz edilebilir, bir çok özellik henüz ortaya çıkmadan (eksprese olmadan) seleksiyon yapmaya izin verir böylelikle olgunluğa ulaşacak bitki sayısı düşürülmüş olur, 2) Bir çok özellik, DNA markörleri kullanılarak sadece fenotipe bakılarak yapılan seleksiyondan daha doğru şekilde sekte edilirler, 3) Fenotipik özelliklerin aksine genetik markörler iklim odaları veya seralar gibi alanlarda güvenilir şekilde belirlenebilir, ki bu durum bitki ıslahında daha hızlı ilerlemeyi mümkün kılar.

Temelde bir özellik için QTL bölgesi tanımlandığında, arzu edilen allellerin elit hatlara (ebeveyn hatları gibi) aktarılması MAS yoluyla mümkün olur (Ribaut ve Hoisington, 1998; Stuber ve ark., 1999). Ancak, kantitatif özellikler için MAS'ın sadece birkaç başarılı uygulaması mevcuttur. Bunun nedeni ise DNA markörleri ve hedef QTL arasındaki zayıf ilişki (genetik uzaklık bakımından) ve MAS'ın yüksek maliyetidir (Stuber ve ark., 1999; Moreau ve ark., 2000; Tuberosa ve ark., 2002).

Bitki ıslahı, bitki üretimini arttırmak için genetik çeşitliliğe ve seleksiyon yöntemlerinin kullanımına dayanır. Dünya'daki tarımsal üretimin % 50'den fazlası geleneksel bitki ıslahı yoluyla başarılmıştır (Kumar, 1999). Bununla birlikte, insan

nüfusu arttıkça, insanların çevreye olan müdahalesi artmakta ve bunların sonucunda değişen iklim nedeniyle, ekilebilir tarım alanları azalmaktadır. Bu nedenle, bitki ıslahında, genetik ilerlemeye hız kazandırmak kaçınılmaz olmaktadır.

Biyoteknolojinin sağladığı yeni yöntemler bitki genetik bilgimizi ve bitki ıslahı metotlarının ilerlemesini kolaylaştırabilecektir. Bu yeni araçlar yoluyla elde edilen bilgi dünya gıda güvenliğini arttırmak için kullanılabileceği düşünülmektedir. Özellikle, DNA markörleri, genetik stokların parmak izlerini çıkarmak, genetik çeşitliliği belirlemek, seleksiyon etkinliğini arttırmak ve QTL'in kullanımı gibi farklı alanlarda bitki ıslah programlarının etkinliğini arttıracak potansiyele sahiptir.

3. MATERYAL ve METOT

3.1. MATERYAL

3.1.1 Bitki Materyali

Bu araştırmada materyal olarak Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Bitki Gen Kaynakları Bölümünden temin edilen ve ülkemizin değişik bölgelerinden toplanmış 20 farklı yerel mısır populasyonu kullanılmış olup materyal hakkında detaylı bilgi Çizelge 3.1’de verilmiştir.

Araştırma ile ilgili tarla denemesi, 2004 yılı yetiştirme mevsiminde, ana ürün koşullarında, Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri deneme alanında yürütülmüştür (Şekil.3.1- Şekil.3.2).

Çizelge 3.1. Materyal Olarak Kullanılan Populasyonlara Ait Kayıt No, Toplandığı Yer, Materyalin Tipi ve Toplandığı Yerin Yüksekliğine Ait Değerler

KAYIT NO	İL	YÖRE	YÜKSEKLİK	MATERYALİN TİPİ
TR 51484	ADANA	Kozan, Gaziköy vil.	50	SERT / AT DIŞI
TR 38147	AĞRI	Tutak, Yoğunhisar vil.	1640	SERT / AT DIŞI
TR 37484	ARTVİN	Şavşat	1200	SERT / AT DIŞI
TR 37499	AYDIN	Sultanhisar, Uzunlar vil.	680	SERT / AT DIŞI
TR 38422	BOLU	Göynük, Karacalar vil.	490	SERT / AT DIŞI
TR 37630	BURSA	Demirtaş vil.	140	SERT / AT DIŞI
TR 57661	DİYARBAKIR	Çermik, Pamuklu vil.	520	SERT / AT DIŞI
TR 36977	ERZURUM	Horasan, Esence vil.	1500	SERT / AT DIŞI
TR 37056	GAZİANTEP	Nizip, Belkız, Kavunlu .	350	SERT / AT DIŞI
TR 50511	İZMİR	Bozdağ	1050	SERT / AT DIŞI
TR 50654	KARS	Kötek	1450	SERT / AT DIŞI
TR 50674	KASTAMONU	Emirler vil.	700	SERT / AT DIŞI
TR 47889	KONYA	Beyşehir, Damlapınar	1360	SERT / AT DIŞI
TR 39563	KÜTAHYA	Saphane, Gaipler vil.	810	SERT / AT DIŞI
TR 48470	ORDU	Mesudiye, Güzle vil.	1000	SERT / AT DIŞI
TR 48452	SAKARYA	Adapazarı-Hendek.	140	SERT / AT DIŞI
TR 48454	SAMSUN	Bafra, Altınkaya Dam	500	SERT / AT DIŞI
TR 42949	TOKAT	Niksar, Kırac vil.	470	SERT / AT DIŞI
TR 49202	TRABZON	Akçaabat, Düzköy vil.	140	SERT / AT DIŞI
TR 49214	UŞAK	Dumlupınar	1320	SERT / AT DIŞI



Şekil.3.1. Deneme Parsellerindeki Bitkilerin Çıkışı



Şekil.3.2. Yerel Mısır Populasyonlarından Oluşan Denemenin Genel görüntüsü

3.1.2. Deneme Yerinin İklim ve Toprak Özellikleri

3.1.2.1. İklim Özellikleri

Deneme alanı ile ilgili, denemenin yürütüldüğü Nisan 2004-Eylül 2004 dönemi ile bu döneme ait uzun yıllar ortalama aylık sıcaklık, yağış ve nem değerleri Çizelge 3.2’de verilmiştir.

Çizelge 3.2. Deneme Alanının 2004 Yılı ve Uzun Yıllar Ortalaması Aylık Sıcaklık, Yağış ve Oransal Nem Değerleri.

AYLAR	2004					UZUN YILLAR				
	Sıcaklık (°C)			Yağış (mm)	Ort. Nem(%)	Sıcaklık (°C)			Yağış (mm)	Ort. nem (%)
	En yük.	En düş.	Ort. Sıc.			En yük.	En düş.	Ort. Sıc.		
Nisan	31.5	4.8	16.9	14	57.9	11.2	26.8	19.0	54.7	67.6
Mayıs	32.8	12.2	20.4	9.7	71.2	15.6	31.3	23.4	46.8	66.5
Haziran	34.8	17.1	24.7	9.4	69.6	19.2	42.8	31.1	14.9	67.1
Temmuz.	38.9	19.7	27.8	0.3	70.4	22.6	33.8	27.8	8.2	72.0
Ağustos	35.6	22.1	27.6	0.3	63.9	14.8	45.6	28.1	6.8	71.8
Eylül	35.9	16.3	25.9	0	58.4	9.3	42.7	25.4	15.6	65.2

Kaynak: Çukurova Üniversitesi Meteoroloji Kayıtları (Anonim, 2005)

Deneme alanı Akdeniz iklim kuşağında olup, yazları sıcak ve kurak, kışları ılık ve yağışlı geçmektedir. Adana ilinin yıllık yağış ortalaması 625 mm olup, yağış genellikle Eylül 15-Nisan 15 tarihleri arasında düşmektedir

Çizelge 3.2’in incelenmesiyle de görülebileceği gibi, Adana koşullarında mısır yetiştirme periyodu (Nisan-Eylül) içinde yeterince yağış olmadığından, mısır için gerekli olan su, sulama suyundan karşılanmıştır. Çalışmanın yürütüldüğü 2004 yılında en yüksek sıcaklık Temmuz 38.9 °C olarak ayında kaydedilmiştir. Denemenin yürütüldüğü yıllar ile uzun yıllar sıcaklık ortalamaları arasında fazla bir değişim göze çarpmamıştır.

Denemenin yürütüldüğü 2004 mısır yetiştirme döneminde iklim değerleri yönünden mısır yetiştirilmesi için olumsuz bir durum yaşanmamıştır.

3.1.2.2. Toprak Özellikleri

Araştırmanın yapıldığı alandaki topraklar Seyhan Nehri yan derelerinin getirmiş olduğu genç alüviyal topraklar olup, hemen hemen düz ve düze yakın topoğrafyadan oluşmuştur. Renkleri kahve ve soluk kahve arasında değişmektedir. Bütün profilde kireç miktarı çok yüksek, organik madde miktarı ise düşüktür. Toprak, nötr tepkimeli olup, bünyeleri kumlu-tınlı ve tınlı yapıdadır (Özbek ve ark., 1974).

3. 2. METOT

3.2.1. Ekim, Bakım ve Hasat İşlemleri

Araştırma ile ilgili tarla denemesi, 2004 yılı yetiştirme mevsiminde, ana ürün koşullarında, Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri deneme alanında yürütülmüş ve ekim 01 Nisan 2004'de yapılmıştır. Deneme, materyal yetersizliği nedeniyle tek tekerrürlü olarak ekilmiştir.

Denemede incelenen yerel mısır populasyonları, sıra arası 70 cm, sıra üzeri 20 cm, sıra uzunluğu 5 m ve her populasyon 2 sıra olacak şekilde ekilmiştir. Parsel alanı $0.7 \times 2 \times 5 = 7 \text{m}^2$ olup her parselde 50 bitki olmasını sağlamak amacıyla çıkıştan sonra tekleme yapılarak parsellerde eşit bitki sıklığı sağlanmıştır

Taban gübresi olarak; 8 kg N/da, 8 kg P_2O_5 /da, ve 8 kg K_2O /da gelecek şekilde 15-15-15 gübresi ekim öncesi toprağa karıştırılarak verilmiştir. Üst gübre olarak, bitkilerin 50-60 cm boylandığı dönemde, 17 kg N/da gelecek şekilde üre gübresi gübre listeri ile verilmiştir

Düzenli çıkış sağlamak için ekimden hemen sonra iki defa yağmurlama sulama yapılmıştır. Diğer sulamalar, parsellere mümkün olduğunca eşit su verilecek şekilde tava usulü yapılmıştır. Yüzey akışını engellemek için parseller arasına set yapılmıştır. İki defa çapa ve bir defa boğaz doldurma işlemi yapılmıştır. Çıkıştan sonra görülen yabancı

otlara karşı 2,4-D amin ve Sanson yabancı ot ilaçları kullanılmıştır. Ayrıca sap kurdu ve koçan kurduna karşı Karate Ec (100 cc/da) ilacı kullanılmıştır.

Bitki olgunlaştıktan sonra parsellerdeki koçanlar elle toplanarak hasat işlemi gerçekleştirilmiş ve koçanlar daha sonra tek tek elle harmanlanmıştır.

3.2.2 Araştırmada İncelenen Morfolojik ve Agronomik Özellikler

Her yerel mısır populasyonundan tesadüf olarak seçilen 20 bitkide aşağıda verilmiş olan özellikler Ülger (1986), CIMMYT/IBPGRI (1991), Alvarez ve Ruiz de Galarreta (1995) ve Rebourg ve ark., (2001) tarafından kullanılan yöntemlere göre incelenmiştir.

1. Tepe Püskülü Çıkış Süresi (gün) : Populasyonda her 20 bitkide çıkış tarihi ile tepe püskülü çıkışının gerçekleştiği tarih arasındaki gün sayısı hesaplanarak bulunmuştur.

2. Bitki Boyu (cm) : Her populasyondan tesadüfen seçilen 20 bitkide, toprak yüzeyi ile tepe püskülünün ilk dalcığının çıktığı yer arasındaki mesafe cm cinsinden ölçülerek bulunmuştur.

3. Koçan Yüksekliği (cm) : Her populasyonda bitki boyunun ölçüldüğü bitkilerde, toprak yüzeyi ile ilk koçanın çıktığı boğum arasındaki mesafe cm cinsinden ölçülerek bulunmuştur.

4. Sap Kalınlığı (mm) : Her populasyonda bitki boyunun ölçüldüğü bitkilerde, sapın birinci boğum arasının kalınlığı kumpas ile mm cinsinden ölçülerek bulunmuştur.

5. Yaprak Açısı (°): Her populasyonda bitki boyunun ölçüldüğü bitkilerde, sapın üstten alta doğru üçüncü yaprağın sap ile arasındaki açı gönye ile derece cinsinden ölçülerek bulunmuştur.

6. Bitkide Yaprak Sayısı (adet/bitki) : Her populasyonda bitki boyunun ölçüldüğü bitkilerde, sapın üzerinde yer alan tüm yapraklar sayılarak bulunmuştur.

7. Tek Yaprak Alanı (cm²) : Her populasyonda bitki boyunun ölçüldüğü bitkilerde, tepeden itibaren üçüncü yaprağın uzunluğu ve en geniş yerindeki eni

ölçüldükten sonra; Tek Yaprak Alanı (cm²)= 0.75 x Yaprak Uzunluğu x Yaprak Eni formülü yardımıyla hesaplanmıştır.

8. Koçan Uzunluğu (cm) : Her populasyondan rastgele alınan 20 koçan örneğinde, koçan sapının tane ile birleştiği noktadan koçan uçuna kadar olan mesafe cm cinsinden ölçülerek bulunmuştur.

9. Koçan Kalınlığı (mm) : Her populasyondan rastgele alınan 20 koçan örneğinde, koçanın orta noktasından kumpas ile mm cinsinden ölçülerek bulunmuştur.

10. Koçanda Tane Sayısı (adet/koçan) : Her populasyondan rastgele alınan 20 koçan örneğinde, koçan üzerinde mevcut sıra sayısı ve sırada tane sayısı belirlenip, ikisinin çarpımı ile bulunmuştur.

11. Koçanda Tane Ağırlığı (g/koçan) : Her populasyondan alınan 20 koçan örneğinin harmanlanması ile elde edilen taneler tartılarak koçanda tane ağırlıkları hesaplanmıştır.

12.Tane Oranı (%) : Her populasyondan alınan 20 koçan örneğinin harmanlanması ile elde edilen taneler ve sömekler hassas terazide tartılarak tane oranı hesaplanmıştır.

13. Bitki Verimi (kg/bitki) : Her populasyondan tesadüfen seçilen 20 bitkide, bitkilerin koçanları elle toplanmış ve elle harmanlamadan sonra bitki verimi bulunmuştur. Hasatta elektronik nem ölçme aleti ile nem ölçümü yapılmış olup buradan elde edilen değerler kullanılarak % 15'e göre nem düzeltmesi yapılmıştır.

3.2.3. Morfolojik ve Agronomik Özelliklere Ait Verilerin Değerlendirilmesi

Poulasyonlardan elde edilen veriler MSTAT-C paket programı kullanılarak varyans analizine tabi tutulmuştur. Analizlerde Basit sınırlı populasyonlarla yapılan varyans modeli esas alınmıştır.

Sınırlı sayıda oluşan örneklerde

$$\text{Varyans: } S^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})^2}{(n - 1)}$$

Satandard sapma: $S = \sqrt{S^2}$

Varyasyon katsayısı $C.V. = \frac{S}{\bar{X}} \times 100$

formülleri ile hesaplanmıştır. Formüllerde S^2 = populusyona ait varyansı, n= populusyondaki birey sayısını, $\bar{X}$ = örneklere ait değışkeni, $\bar{X}$ = $\bar{X}$ değışkenine ait ortalamayı, S=Standart sapmayı, C.V.= Varyasyon katsayısını temsil etmektedir.

Modelde varyansın hesaplanması Düzgüneş ve ark., (1983)'na göre yapılmıştır.

3.2.4. Moleküler Analizler

3.2.4.1. Bitki Örneklerinde Genomik DNA Analizi

3.2.4.1.(1). Yaprak örneklerinin Hazırlanması

Her populusyonu temsilen 4-5 bitkiden alınan genç yaprak örnekleri, ayrı ayrı alüminyum folyo kağıdına sarılarak sıvı azot içersinde dondurulmuştur. Alınan bu örnekler, DNA analizleri başlayıncaya kadar –80 °C derecede muhafaza edilmiştir.

3.2.4.1.(2). DNA İzolasyonu

Genomik DNA izolasyonu CTAB protokolü (Saghai-Maroo ve ark.1984; Doebley ve Stec, 1991)'ne göre yapılmıştır. CTAB protokolü aşağıdaki şekilde uygulanmıştır.

Bitki yaprak örnekleri porselen havanlar içersinde sıvı azotla dondurulduktan sonra ezilerek toz haline getirilmiştir (Şekil3.3). Toz haline gelen bitki materyali 1.5 ml'lik eppendorf tüpünün içersine konulmuş ve üzerine 0.700 ml CTAB tampon çözeltisi eklenmiştir. Tampon çözeltisi eklenen örnekler 65 °C' de 1 saat su banyosunda bekletilmiştir. Bu zaman içersinde örnekler her 5-10 dakikada bir çalkalanmıştır (Şekil 3.4)



Şekil 3.3. Yaprak Örneklerinin Sıvı Azotta Ezilmesi

Daha sonra su banyosundan çıkarılan örneklerin soğuması için oda sıcaklığında 10 dk bekletilmiş ve soğutulması sağlanmıştır. Soğuması sağlanan tüplere 0.400 ml kloroform: isoamil alkol karışımı eklenmiş (24: 1) ve 2-3 dk' da bir 15 dk süre ile yavaşça çalkalanmıştır (Şekil 3.5).

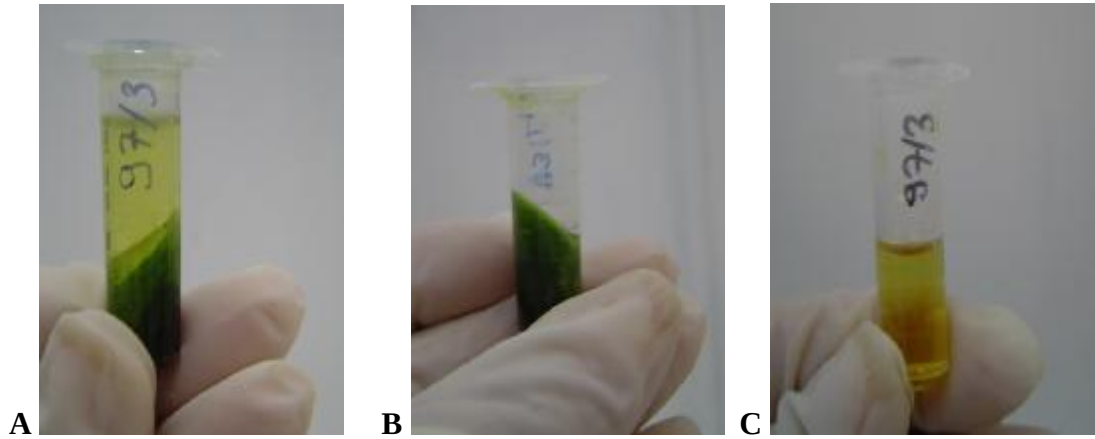


Şekil.3.4. Tampon Çözeltisi Eklenmiş Örneklerin Su Banyosunda Tutulması



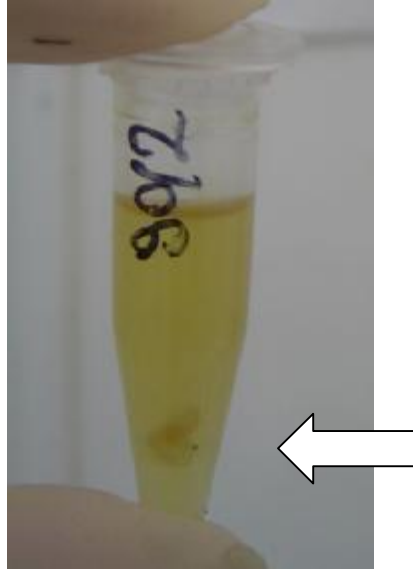
Şekil 3.5. Örneklerin İki Faza Ayrılmasını Sağlamak Amaçlı Santrifüj Aşaması

Santrifüj sonrası ortaya çıkan iki fazdan üst faz alınmış ve yeni 1.5 ml' lik tüpe aktarılmıştır (Şekil. 3.6 A-B-C).



Şekil 3.6. A) Santrifüj Sonrası Ortaya İki Faz Çıkar B) Üst Fazın Alınması C) Alınan Üst Fazın Başka Bir Tüpe Aktarılması

Üst fazı yeni bir tüpe aktarılmış tüpün üstüne 250 µl isopropanol eklenmiş ve DNA'nın çökmesi sağlanmıştır (Şekil 3.7).



Şekil 3.7. İsoopropanol Eklenmiş Tüpte DNA'nın Çökmesi Aşaması

Dibe çöken DNA'ların, içerisinde 10 mM Ammonium Asetat bulunan % 76'lık etil alkolden 200 µl eklenerek çalkalayıcıda 15 dakika boyunca yıkanmıştır. Bu yıkama işlemi iki defa yapılmıştır. Yıkanan DNA örnekleri 3 dk 5000 rpm' de santrifüj yapılarak dibe çöktürülmüş, yıkama solüsyonu boşaltılarak tüpün dibindeki DNA oda sıcaklığında 24 saat kurumaya bırakılmıştır. Kurutulan DNA, 50 µl ddH₂O eklenerek çözülmüş ve - 20 °C' de saklanmıştır.

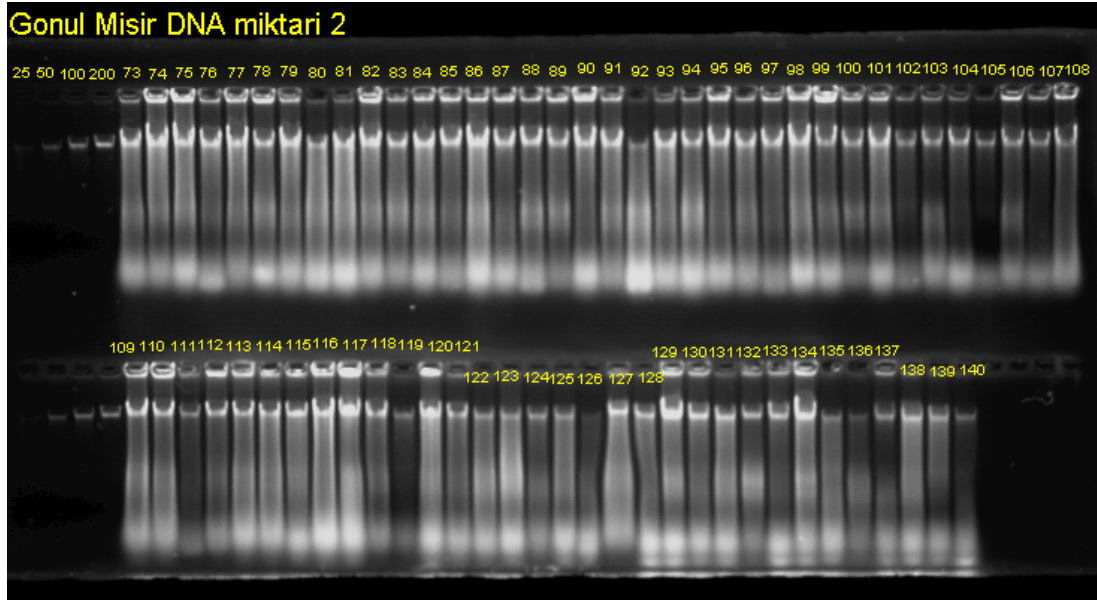
3.2.4.2 DNA Konsantrasyon Ayarı

PCR'a dayalı DNA moleküler markör teknikleri ile çalışırken kullanılan DNA konsantrasyonlarının ayarlanma aşaması oldukça önemlidir. Bu nedenle her bir genotipin PCR reaksiyonunda kullanılacak DNA miktarının çok iyi ayarlanması gerekir. Bu araştırmada mısır genotiplerinin DNA kalitesi ve konsantrasyonu, %0.8'lik agaroz jelde konsantrasyonu belli λ DNA ile karşılaştırılarak tahmini olarak belirlenmiştir.

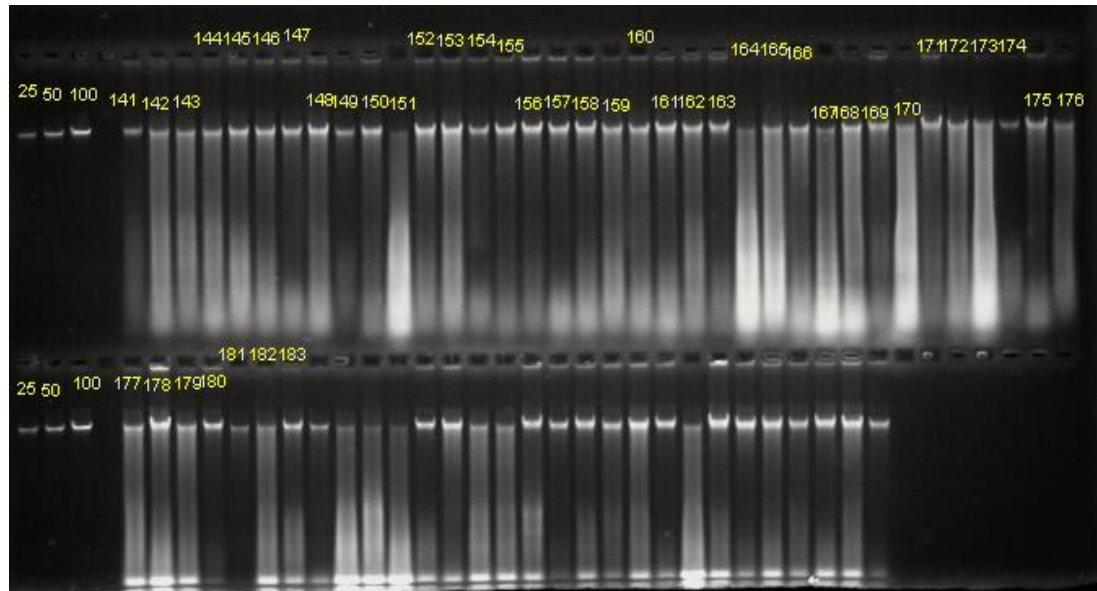
DNA konsantrasyonunun belirlenmesi için her bir örnek için toplam hacmi 20 µl olacak şekilde 2 µl stok DNA, 4 µl jel yükleme boyası (500 µl/ml glycerol, 20 mM EDTA, 0.6 mg/ml bromophenol blue) ve 14 µl saf su konularak örnekler hazırlanmıştır.

Hazırlanan örneklerden 10 µl'si, %0.8 konsantrasyondaki agaroz jel üzerinde hazırlanmış yuvalara yerleştirilmiş (Şekil 3.8.) ve elektroforezde 90 voltta 45 dakika koşturma işlemi yapılmıştır. UV transilluminatör yardımıyla elde edilen DNA yoğunlukları konsantrasyonu belli λ DNA'lar (25ng-50ng-100ng-200ng) ile karşılaştırılarak belirlenmiştir. Böylece her bir genotipten elde edilen stok DNA konsantrasyonları belirlenmiştir. Stok DNA konsantrasyonları esas alınarak, PCR analizleri için her bir DNA örneğinin konsantrasyonu 5 ng/µl olacak şekilde ayarlanmıştır. Bu işlem de yine %0.8'lik agaroz jelde yapılmıştır. Bunun için toplam hacmi 20 µl olacak şekilde 10 µl seyreltik DNA, 4 µl jel yükleme boyası ve 6 µl saf su konularak örnekler hazırlanmıştır. Daha sonra bu hazırlanan örneklerden 10 µl'si agaroz jeldeki yuvalara yerleştirilmiş ve 90 voltta 45 dakika süre ile elektroforez işlemi yapılmıştır(Şekil 3.9).

Böylece her bir örneğin 5 ng / µl olup olmadığı kontrol edilmiştir. 5 ng / µl'den fazla olan örneklere saf su, az olan örneklere ise orantılı olarak DNA eklenerek tüm örneklerin konsantrasyonunun 5 ng / µl olması sağlanmıştır. Böylece tüm DNA örnekleri PCR'a hazır hale getirilmiştir.



Şekil 3.8. % 0.8'lik Agaroz Jelde Koşulmuş Stok DNA Örnekleri



Şekil 3.9. 50 ng'a Ayarlanmış DNA Örneklerinin %0.8'lik Agaroz Jelde Koşulması

3.2.4.3. Kullanılan Mikrosatellit Primerler

Bu çalışmada, mısır genomunun mikrosatellit bölgelerinde bulunan varyasyonun belirlenmesi amacı ile <http://www.maizegdb.org/> web sitesinden seçilen ve Çizelge.3.3’de DNA dizilimleri ve kromozomdaki yerleri verilen SSR primerleri kullanılmıştır.

Çizelge 3.3. Araştırmada kullanılan SSR primerlerinin Adı, DNA dizilimleri ve Bulunduğu Kromozom

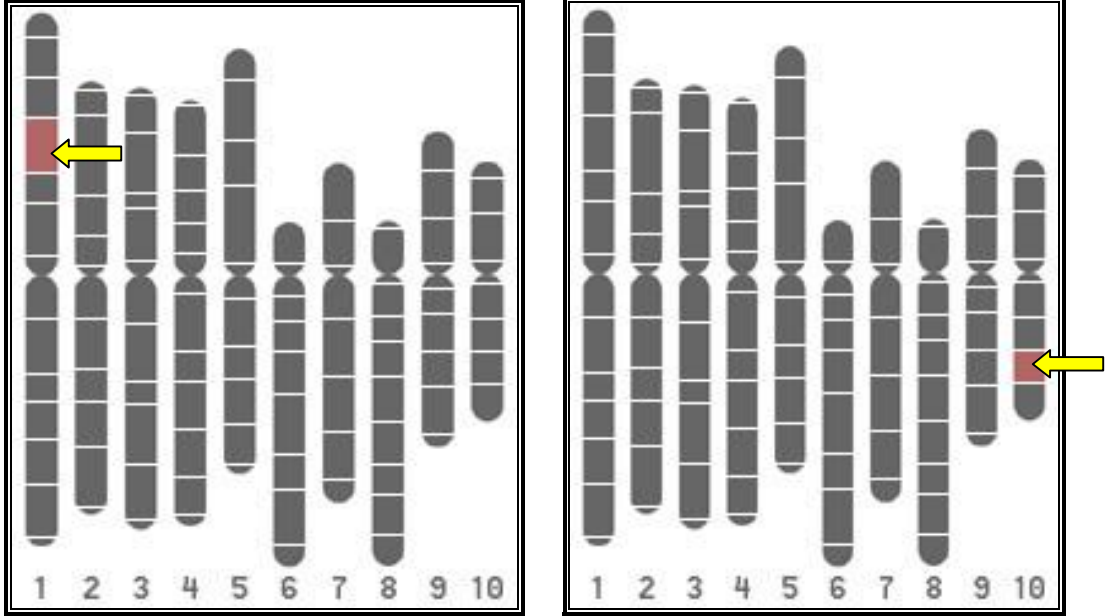
Primer Adı	DNA Dizilimi (5’ den 3’)	Bulunduğu Kromozom/Segmenti
Umc1403	*F- GTACAACGGAGGCATTCTCAAGTT *R- TGTACATGGTGGTCTTGTGAGGT	1.03
Phi127	F- ATATGCATTGCCTGGAAGGA R- AATTCAAACACGCCTCCCGAGTGT	2.07
Phi090	F- CTACCTATCCAAGCGATGGGGA R- CGTGCAAATAATTCCCCGTGGGA	2.08
Phi029	F-TTGTCTTTCTTCTCCACAAGCAGCGAA R- ATTTCCAGTTGCCACCGACGAAGAACTT	3.04
Nc135	F- CACAAAGAGCAGCCCACTTT R- AAGTTGCTGACATCGATCCA	4.01
Phi113	F- GCTCCAGGTCGGAGATGTGA R- CACAACACATCCAGTGACCAGAGT	5.02
Phi128	F- TTGCTCGGTATGAAGAAAATAGTCTTTCC R- ATCTTGCAACTAGACTGAGGCAACCA	5.07
Umc1178	F- CTGTCGTAAGAGCGCCAACAG R- GTCTGAACGATGAACAGTACACGC	6.02
Phi034	F- TAGCGACAGGATGGCCTCTTCT R- GGGGAGCACGCCTTCGTTCT	7.02
Phi015	F- GCAACGTACCGTACCTTTCCGA R- ACGCTGCATTCAATTACCGGGAAG	8.08
Phi065	F- AGGGACAAATACGTGGAGACACAG R-CGATCTGCACAAAGTGGAGTAGTC	9.03
Phi084	F- AGAAGGAATCCGATCCATCCAAGC R- CACCCGTACTTGAGGAAAACCC	10.04
Phi035	F- CGTGCAAGCAGTCCTCCCAG R- CTCCCTGATGATGAGCTAGAAAGG	10.06

*F:Forward *R:Reverse

(.)’dan önceki rakam primerin bulunduğu kromozomu gösterir

(.)’dan sonraki rakam kromozom segmentini gösterir

Mısır bitkisi $2n=20$, $n=10$ kromozoma sahiptir ve bu çalışmada her kromozomdan 1 veya 2 SSR bölgesi çalışılmıştır. Araştırmada kullanılan Umc1403 ve Phi035 SSR primerinin bulundukları kromozomlar üzerindeki yerler Şekil 3.10'de gösterilmiştir.



Şekil 3.10. Umc1403 (bin 1.03) ve Phi035 (bin10.06) SSR Primerlerinin Bulunduğu Kromozom ve Yeri (Kaynak:<http://www.maizegdb.org/>)

3.2.4.4. Polimeraz Zincir Reaksiyonları

Polimeraz zincir reaksiyonları Matsuoka ve ark., (2002a)'na göre yapılmıştır. Hazırlanan PCR reaksiyon solüsyonunun toplam hacmi 20 μ l'dir. Bu reaksiyon solüsyonunu içerisinde 1X PCR buffer (50 mM KCl, 10 mM Tris-HCL, pH 9.0, %0.1 Triton X-100), 0.2 mM dNTPs, 1.5 mM $MgCl_2$, 0.5 U Taq polimarese, 4 pmol DNA başlatım dizilimleri (forward ve reverse primer) ve 25 ng DNA örneği mevcuttur. Reaksiyon ilk önce 95°C'de 4 dakika denatürasyon ile başlamış ve bir döngü 95°C'de 1 dakika denatürasyon, 42-60°C'de 2 dakika bağlanma (primere bağlı olarak değişmek üzere), 72°C'de 2 dakika uzama ile tamamlanmış olup istenen bölgenin çoğaltılması için toplam 30-40 arası döngü yapılmıştır. Son döngüde uzama süresi 10 dakikaya

çıkartılmıştır. Bütün reaksiyonlar Eppendorf marka sıcaklık döngü aletinde (Thermocycle) yapılmıştır. Reaksiyon bittikten sonra, PCR ürünlerinin tam ayrılabilmesi ve daha net görüntü alabilmek için; denatüre olmayan poliakrilamid dikey jel electrophorezi yapılmıştır. Dikey jel elektroforez için % 8'lik poliakrilamid jel hazırlanmıştır. % 8'lik poliakrilamid jel için gerekli solüsyonlar Tablo.3.4'de verilmiştir.

Çizelge.3.4: Poliacrilamid Jelin Hazırlanmasında Kullanılan Solüsyonlar ve Miktarları

8% Akrilamid solusyonu (non-denaturing jel için)	
Stok	Miktar
40% acrylamide	8 ml
5X TBE	8 ml
ddH ₂ O	24 ml
%25 APS(Ammonium persulfate	140 µl
TEMED	20 µl

Elde edilen PCR ürünleri hazırlanan jeldeki kuyucuklara SGB (sample gel buffer) ile yüklenmiştir SGB buffer solüsyonu için gerekli kimyasallar Tablo 3.5 'de verilmiştir.

Çizelge 3.5. 5X SGB Buffer Solüsyonu İçin Gerekli Kimyasallar

Stok	Miktar(50 ml için)
1 M Tris-8.0	2.5 ml
0.5 M EDTA-8.0	0.5 ml
Sucrose	12.5 g
Bromophenol blue	100.0 mg
Xylene cyanole	100.0 mg
ddH ₂ O	50.0 ml

Dikey elektroforezde DNA'nın koşma işlemi 240 V'da 3-4 saat olarak gerçekleştirilmiştir. (Şekil 3.11). Koşma işlemi bittikten sonra jel 0.5 µg/ml konsantrasyondaki ethidium bromide ile boyanarak, PCR ile çoğaltılmış DNA parçalarının görüntülenmesi UV altında sağlanmıştır



Şekil 3.11. Poliagrilamit Jelde DNA'nın Koşulması

Her SSR için çoğaltılan PCR ürünlerinin parça uzunluğu jel dokümantasyon sistemi içerisinde bulunan ve Genotyper 2.1 olarak adlandırılan paket programı sayesinde hesaplanmıştır.

Jelde görüntülenen bantlar polimorfik olup olmamasına göre 1 (var) veya 0 (yok) olarak sınıflandırılıp matris oluşturularak genetik uzaklık Nei (1972;1973) göre aşağıdaki formül ile hesaplanmıştır:

$$D = - \ln[G_{XY} / \sqrt{G_X G_Y}]$$

$G_X = \sum p_i^2$ 'nin ortalaması (p_i =X popülasyonuna ait i 'ninci allelin frekansı)

$G_Y = \sum q_i^2$ 'nin ortalaması (q_i = Y popülasyonuna ait i 'ninci allelin frekansı)

$G_{XY} = \sum p_i q_i$ 'nin ortalaması

Çalışmada kullanılan primerlerin polimorfizm bilgi içerikleri (PIC, Polymorphism Information Content) Laborda ve ark. (2005)'na göre aşağıdaki formül

yardımıyla belirlenmiştir. Buna göre, öncelikle polimorfik bantlarda toplam var (1) ve yok (0) olan bantların sayıları belirlenmiştir. Daha sonra bu bantların ayrı ayrı frekansları hesaplanmıştır. Formüle göre f_i , i bandının frekansıdır.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n f_i^2$$

Aynı zamanda çoğaltılan her mikrosatellit için ortalama allel sayısı, gen çeşitliliği (H_e) Nei (1978) ve Morgante ve ark., (1994)'in bildirdikleri yöntemle göre hesaplanmıştır. Kümeleme analizi ve diğer analizler PAUP-4 (Swofford, 1998) ve POPGEN (Yeh ve ark., 1997) paket programları kullanılarak yapılmıştır. Çizimlerde oluşan hataların en aza indirilmesi ve bütün olasılıkların değerlendirilmesi için en az 500 defa olasılık hesabı yapılmış ve ağaçlar oluşturularak birbirleriyle karşılaştırılmıştır.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Morfolojik ve Agronomik Özelliklerin Karakterizasyonu

4.1.1. Populasyon içi varyasyon

4.1.1.1 Tepe Püskülü Çıkış Süresi

İncelenen 20 farklı mısır populasyonunun her birisinde tepe püskülü çıkış süresi ile ilgili olarak saptanan ortalama, standart sapma, minimum ve maksimum değerler ile varyasyon katsayısı değerleri Çizelge 4.1’de verilmiştir.

Çizelge.4.1. Yirmi Farklı Mısır Populasyonunda Elde Edilen Tepe Püskülü Çıkış Süresine (Gün) Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri

KAYIT NO	İL	ORTALAMA ± STANDART SAPMA	MİN	MAKS	VARYASYON KATSAYISI (%)
TR 51484	ADANA	64.8 ± 1.3	62	67	2.1
TR 38147	AĞRI	53.1 ± 1.2	50	56	2.3
TR 37484	ARTVİN	60.8 ± 1.5	59	65	2.5
TR 37499	AYDIN	60.1 ± 1.7	56	63	2.8
TR 38422	BOLU	57.1 ± 1.2	55	59	2.1
TR 37630	BURSA	69.9 ± 0.7	69	72	1.1
TR 57661	DİYARBAKIR	67.1 ± 1.2	63	68	1.9
TR 36977	ERZURUM	63.5 ± 2.3	60	67	3.6
TR 37056	GAZİANTEP	62.5 ± 1.3	59	64	2.1
TR 50511	İZMİR	69.8 ± 0.9	68	71	1.3
TR 50654	KARS	73.4 ± 2.4	71	77	3.2
TR 50674	KASTAMONU	59.8 ± 2.3	57	64	3.8
TR 47889	KONYA	63.3 ± 1.8	61	66	2.8
TR 39563	KÜTAHYA	60.1 ± 1.1	59	62	1.9
TR 48470	ORDU	60.6 ± 2.1	57	65	3.5
TR 48452	SAKARYA	61.9 ± 2.3	57	67	3.8
TR 48454	SAMSUN	63.7 ± 1.8	61	68	2.9
TR 42949	TOKAT	66.5 ± 1.7	62	69	2.5
TR 49202	TRABZON	69.6 ± 0.8	67	70	1.2
TR 49214	UŞAK	63.8 ± 1.2	62	67	2.0
ORTALAMA		63.6			

Çizelge 4.1. incelendiğinde tepe püskülü çıkış süresi ortalama 63.6 gün olduğu ortaya çıkmaktadır. Ağrı (TR38147) iline ait populasyonun en düşük ortalamaya (53.1) sahip olduğu ve bu populasyonun 50-56 gün değişim aralığıyla en erkenci populasyon olduğu ortaya çıkmıştır. Kars (TR50654) iline ait populasyonun ise 73.4 ortalama ile en yüksek tepe püskülü çıkarma süresine sahip olduğu ve minimum 71 maksimum 77 gün değişim aralığı gösterdiği ve en geççi populasyon olduğu ortaya çıkmıştır. Varyasyon katsayısı en düşük (%1.1) Bursa (TR37630) iline ait populasyonda görülürken, en yüksek varyasyon katsayısının (% 3.8) Kastamonu (TR50674) iline ait populasyonda olduğu bulunmuştur. Genel olarak, incelenen populasyonların tepe püskülü çıkarma süresi açısından düşük bir varyasyona sahip olduğu görülmektedir.

4.1.1.2. Bitki Boyu

İncelenen 20 populasyonda bitki boyuna ait ortalama, standart sapma, minimum ve maksimum değerler ile varyasyon katsayısı değerleri Çizelge 4.2’de verilmiştir.

Çizelge 4.2 incelendiğinde Trabzon (TR49202) iline ait populasyonun minimum 198 cm maksimum 305 cm bitki boyu değişim aralığı gösterdiği ve en uzun boylu (243.0 cm) populasyon olduğu bulunmuştur. Ağrı (TR38147) iline ait populasyonunun en düşük bitki boyu ortalaması (121.5 cm) ile en kısa boylu populasyon olduğu ortaya çıkmıştır. Bitki boyu populasyon içi geniş varyasyon göstermiş olup en yüksek varyasyon katsayısı Ordu (TR48470) iline ait populasyondan (% 23.9) elde edilmiş, bunu sırasıyla Kars (TR50654) (%16.7), Aydın (%16.2) (TR37499) ve Kütahya (TR39563) (%16.1) iline ait populasyonlar takip etmiştir. En düşük varyasyon katsayısının Samsun (TR48454) (% 8.7) iline ait populasyondan elde edildiği görülmüştür. İncelenen populasyonların bitki boyu açısından genellikle oldukça yüksek varyasyon gösterdiği saptanmıştır (**Şekil 4.1**).

Çizelge 4.2. Yirmi Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Bitki Boyuna (cm) Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri

KAYIT NO	İL	ORTALAMA ± STANDART SAPMA	MİN	MAKS	VARYASYON KATSAYISI (%)
TR 51484	ADANA	167.4 ± 15.3	136	185	9.1
TR 38147	AĞRI	121.5 ± 18.7	89	176	15.4
TR 37484	ARTVİN	163.9 ± 19.6	122	195	11.9
TR 37499	AYDIN	135.7 ± 22.0	90	170	16.2
TR 38422	BOLU	140.4 ± 21.2	100	172	15.1
TR 37630	BURSA	230.3 ± 26.1	163	260	11.3
TR 57661	DİYARBAKIR	234.0 ± 23.6	160	260	10.1
TR 36977	ERZURUM	214.7 ± 21.1	180	250	9.8
TR 37056	GAZİANTEP	153.5 ± 21.8	105	185	14.2
TR 50511	İZMİR	196.9 ± 18.7	165	222	9.5
TR 50654	KARS	191.7 ± 32.1	120	285	16.7
TR 50674	KASTAMONU	126.9 ± 13.5	101	155	10.6
TR 47889	KONYA	127.2 ± 16.7	103	159	13.1
TR 39563	KÜTAHYA	138.7 ± 22.3	87	172	16.1
TR 48470	ORDU	132.1 ± 31.6	95	225	23.9
TR 48452	SAKARYA	153.3 ± 21.0	117	195	13.7
TR 48454	SAMSUN	204.7 ± 17.8	166	225	8.7
TR 42949	TOKAT	175.6 ± 21.3	126	215	12.1
TR 49202	TRABZON	243.0 ± 27.6	198	305	11.3
TR 49214	UŞAK	184.7 ± 28.5	110	240	15.4
ORTALAMA		171.8			



Şekil 4.1. Mısır Populasyonlarında Farklı Bitki Boylarıyla İlgili Görüntüler

4.1.1.3. Koçan Yüksekliği

İncelenen 20 farklı mısır popülasyonunun her birisinde koçan yüksekliğiyle ilgili olarak saptanan ortalama, standart sapma, minimum ve maksimum değerler ile varyasyon katsayısı değerleri Çizelge 4.3’de verilmiştir.

Çizelge 4.3. Yirmi Farklı Mısır Popülasyonundan Elde Edilen Koçan Yüksekliğine (cm) Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri

KAYIT NO	İL	ORTALAMA ± STANDART SAPMA	MİN	MAKS	VARYASYON KATSAYISI (%)
TR 51484	ADANA	84.5 ± 17.4	42	115	20.6
TR 38147	AĞRI	40.7 ± 15.7	22	89	38.7
TR 37484	ARTVİN	82.4 ± 20.5	58	145	24.8
TR 37499	AYDIN	67.9 ± 15.2	45	100	22.4
TR 38422	BOLU	64.1 ± 11.1	40	83	17.3
TR 37630	BURSA	138.3 ± 22.0	100	190	15.9
TR 57661	DİYARBAKIR	132.5 ± 15.3	100	161	11.5
TR 36977	ERZURUM	115.3 ± 17.2	80	140	14.9
TR 37056	GAZİANTEP	83.5 ± 19.3	40	110	23.1
TR 50511	İZMİR	96.2 ± 13.3	68	125	13.8
TR 50654	KARS	94.1 ± 14.7	60	120	15.6
TR 50674	KASTAMONU	45.4 ± 11.4	21	64	25.1
TR 47889	KONYA	59.3 ± 10.4	36	74	17.6
TR 39563	KÜTAHYA	57.4 ± 15.6	27	89	27.1
TR 48470	ORDU	51.7 ± 14.6	30	88	28.3
TR 48452	SAKARYA	65.8 ± 16.4	36	98	24.9
TR 48454	SAMSUN	106.7 ± 12.3	83	138	11.6
TR 42949	TOKAT	78.3 ± 17.8	42	106	22.7
TR 49202	TRABZON	121.8 ± 15.5	98	149	12.7
TR 49214	UŞAK	88.1 ± 18.2	56	127	20.7
ORTALAMA		83.7			

Çizelge 4.3’te görüldüğü gibi koçan yüksekliği ortalama olarak 83.75 bulunmuş olup, en yüksek koçan yüksekliği 138.3 cm ile Bursa (TR37630) popülasyonundan, en düşük koçan yüksekliği 40.7 cm ile Ağrı (TR38147) popülasyonundan elde edilmiştir. Varyasyon katsayısı en yüksek % 38.7 ile Ağrı (TR38147) popülasyonundan elde edilmiş ve bunu sırasıyla % 28.3 ile Ordu (TR48470) ve % 27.2 ile Kütahya (TR39563) ili popülasyonları takip etmiştir. En

düşük varyasyon katsayısı % 11.5 ile Diyarbakır (TR57661) populasyonundan elde edilmiştir. Genel olarak incelenen populasyonların koçan yüksekliği açısından yüksek varyasyona sahip olduğu ortaya çıkmıştır (Şekil 4.2).



Şekil.4.2. Mısır Populasyonlarında Farklı Koçan Yükseklikleriyle İlgili Görüntüler

4.1.1.4. Sap Kalınlığı

İncelenen 20 populasyonda bitki sap kalınlığına ait ortalama, standart sapma, minimum ve maksimum değerler ile varyasyon katsayısı değerleri Çizelge 4.4’de verilmiştir.

Çizelge 4.4 incelendiğinde bitki sap kalınlığı ortalama 18.8 mm olarak bulunmuş olup, en yüksek sap kalınlığı ortalaması 22.6 mm ile İzmir (TR50511) populasyonundan elde edilmiş ve minimum 18 mm maksimum 30 mm değişim aralığı göstermiştir. Sap kalınlığı en düşük 15.9 mm ile Kastamonu (TR50674) populasyonundan elde edilmiştir. Populasyon sap kalınlığı açısından geniş varyasyon göstermiş olup en yüksek varyasyon katsayısı % 23.1 ile Artvin (TR37484) ili populasyonundan elde edilmiştir. Bunu sırasıyla % 22.7 ile Bolu (TR38422), % 21.3

ile Konya (TR47889) popülasyonu takip etmiştir. En düşük varyasyon katsayısı % 11.3 ile Bursa (TR37630) popülasyonundan elde edilmiştir.

Çizelge 4.4. Yirmi Farklı Mısır Popülasyonundan Elde Edilen Bitki Sap Kalınlığına (mm) Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri

KAYIT NO	İL	ORTALAMA ± STANDART SAPMA	MİN	MAKS	VARYASYON KATSAYISI (%)
TR 51484	ADANA	17.3 ± 2.8	11	21	16.5
TR 38147	AĞRI	16.2 ± 2.8	10	21	17.4
TR 37484	ARTVİN	18.7 ± 4.3	13	30	23.1
TR 37499	AYDIN	17.7 ± 3.4	13	24	17.2
TR 38422	BOLU	17.8 ± 4.1	11	27	22.7
TR 37630	BURSA	21.3 ± 2.4	18	26	11.3
TR 57661	DİYARBAKIR	20.0 ± 3.1	15	25	15.6
TR 36977	ERZURUM	19.9 ± 3.0	15	24	15.1
TR 37056	GAZİANTEP	18.3 ± 3.4	12	25	18.9
TR 50511	İZMİR	22.6 ± 3.0	18	30	13.3
TR 50654	KARS	20.5 ± 4.0	16	30	19.6
TR 50674	KASTAMONU	15.9 ± 3.1	10	23	19.9
TR 47889	KONYA	19.0 ± 4.0	12	28	21.3
TR 39563	KÜTAHYA	17.2 ± 1.8	14	20	10.9
TR 48470	ORDU	16.5 ± 2.4	13	21	14.9
TR 48452	SAKARYA	20.4 ± 2.8	16	26	13.8
TR 48454	SAMSUN	20.5 ± 3.4	14	26	16.7
TR 42949	TOKAT	18.3 ± 2.3	13	23	13.0
TR 49202	TRABZON	20.2 ± 2.6	17	25	13.3
TR 49214	UŞAK	17.4 ± 3.2	12	26	18.5
ORTALAMA		18.8			

4.1.1.5. Yaprak Açısı

İncelenen 20 farklı mısır popülasyonunun her birisinde yaprak açısıyla ilgili olarak saptanan ortalama, standart sapma, minimum ve maksimum değerler ile varyasyon katsayısı değerleri Çizelge 4.5’de verilmiştir.

Çizelge 4.5 incelendiğinde, yaprak açısı ortalama olarak 36.1° bulunmuş olup, popülasyonlar içinde yaprağın gövdeye bağlandığı en geniş açılı (55.8°) popülasyon

Çizelge 4.5. Yirmi Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Yaprak Açısına (°)
Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim
Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri

KAYIT NO	İL	ORTALAMA ± STANDART SAPMA	MİN	MAKS	VARYASYON KATSAYISI (%)
TR 51484	ADANA	46.0 ± 21.9	11	85	47.7
TR 38147	AĞRI	42.6 ± 19.2	11	70	45.1
TR 37484	ARTVİN	41.5 ± 13.5	18	70	32.5
TR 37499	AYDIN	38.7 ± 15.1	19	60	39.0
TR 38422	BOLU	43.0 ± 18.8	19	81	43.8
TR 37630	BURSA	26.8 ± 14.8	5	54	55.1
TR 57661	DİYARBAKIR	37.5 ± 15.8	19	67	42.1
TR 36977	ERZURUM	27.3 ± 13.2	5	52	48.2
TR 37056	GAZİANTEP	30.7 ± 14.2	16	60	46.5
TR 50511	İZMİR	28.1 ± 7.3	17	38	26.2
TR 50654	KARS	38.2 ± 19.1	13	85	50.1
TR 50674	KASTAMONU	55.8 ± 19.7	20	94	35.4
TR 47889	KONYA	30.3 ± 13.4	14	54	44.1
TR 39563	KÜTAHYA	42.6 ± 14.9	18	65	35.0
TR 48470	ORDU	29.2 ± 15.6	10	55	53.4
TR 48452	SAKARYA	26.9 ± 10.9	9	45	40.5
TR 48454	SAMSUN	28.4 ± 12.2	7	54	43.0
TR 42949	TOKAT	37.3 ± 13.8	14	68	37.1
TR 49202	TRABZON	34.2 ± 10.9	20	62	32.0
TR 49214	UŞAK	37.1 ± 14.6	6	71	39.5
ORTALAMA		36.1			

Kastamonu (TR50674) iline ait populasyon olup, değişim aralığı aynı populasyon için minimum 20°, maksimum 94° bulunmuştur. Yaprığın gövdeye bağlandığı en dik açılı populasyon 26.8° ile Bursa (TR37630) iline ait populasyon olup değişim aralığı minimum 5°, maksimum 54° bulunmuştur. Populasyonlar yaprak açısı bakımından çok geniş bir varyasyon göstermiş olup en yüksek varyasyon katsayısı % 55.1 ile TR37630 Bursa populasyonunda saptanmış bunu sırasıyla % 50.1 ile Kars (TR50654), % 48.2 ile Erzurum (TR36977) iline ait populasyonlar takip etmiştir. En düşük varyasyon katsayısı % 26.2 ile İzmir (TR50511) iline ait populasyonda saptanmıştır.

4.1.1.6. Bitkide Yaprak Sayısı

İncelenen 20 popülasyonda bitkide yaprak sayısına ait ortalama, standart sapma, minimum ve maksimum değerler ile varyasyon katsayısı değerleri Çizelge 4.6’da verilmiştir.

Çizelge 4.6’da görüldüğü gibi, bitkide yaprak sayısı ortalama olarak 10.8 bulunmuş olup, en yüksek yaprak sayısı 13.6 ile İzmir (TR50511) iline ait popülasyonda saptanmış, değişim aralığı minimum 10, maksimum 18 bulunmuştur. En düşük yaprak sayısı 8.1 ile Ağrı (TR38147) popülasyonunda saptanmış, değişim aralığı minimum 6 maksimum 10 olarak bulunmuştur. Varyasyon katsayısı en yüksek % 14.4 ile Artvin (TR37484) popülasyonundan, en düşük varyasyon ise % 7.2 ile (TR49202) Trabzon popülasyonundan elde edilmiştir.

Çizelge 4.6. Yirmi Farklı Mısır Popülasyonundan Elde Edilen Bitkide Yaprak Sayısına (adet/bitki) Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri

KAYIT NO	İL	ORTALAMA ± STANDART SAPMA	MİN	MAKS	VARYASYON KATSAYISI (%)
TR 51484	ADANA	10.2 ± 0.9	9	12	9.3
TR 38147	AĞRI	8.1 ± 1.1	6	10	13.0
TR 37484	ARTVİN	10.4 ± 1.5	9	15	14.4
TR 37499	AYDIN	10.1 ± 1.2	7	12	11.6
TR 38422	BOLU	10.1 ± 1.1	8	12	10.6
TR 37630	BURSA	12.9 ± 1.1	11	15	8.8
TR 57661	DİYARBAKIR	12.5 ± 1.2	10	15	9.5
TR 36977	ERZURUM	12.0 ± 1.7	9	15	14.3
TR 37056	GAZİANTEP	10.1 ± 1.2	8	12	11.9
TR 50511	İZMİR	13.6 ± 1.8	10	18	13.3
TR 50654	KARS	12.9 ± 1.1	11	16	9.03
TR 50674	KASTAMONU	9.3 ± 1.1	7	12	12.6
TR 47889	KONYA	8.8 ± 1.1	7	11	12.0
TR 39563	KÜTAHYA	8.9 ± 1.1	7	11	12.2
TR 48470	ORDU	8.4 ± 1.1	6	10	13.5
TR 48452	SAKARYA	9.8 ± 1.1	8	12	11.2
TR 48454	SAMSUN	11.9 ± 1.4	10	14	11.8
TR 42949	TOKAT	11.9 ± 0.8	10	13	7.4
TR 49202	TRABZON	12.9 ± 0.9	12	15	7.2
TR 49214	UŞAK	10.8 ± 1.0	9	13	9.5
ORTALAMA		10.8			

4.1.1.7. Tek Yaprak Alanı

İncelenen 20 farklı mısır populasyonunun her birisinde tek yaprak alanı ile ilgili olarak saptanan ortalama, standart sapma, minimum ve maksimum değerler ile varyasyon katsayısı değerleri Çizelge 4.7’de verilmiştir.

Çizelge 4.7. Yirmi Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Tek Yaprak Alanına (cm²) Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri

KAYIT NO	İL	ORTALAMA ± STANDART SAPMA	MİN	MAKS	VARYASYON KATSAYISI (%)
TR 51484	ADANA	351.8 ± 56.9	252.0	450.0	16.2
TR 38147	AĞRI	334.6 ± 75.6	210.4	472.5	22.6
TR 37484	ARTVİN	360.1 ± 96.5	220.5	541.9	26.8
TR 37499	AYDIN	342.6 ± 82.2	209.6	513.0	24.0
TR 38422	BOLU	337.1 ± 59.3	246.8	446.3	17.6
TR 37630	BURSA	409.9 ± 136.0	57.8	676.5	33.2
TR 57661	DİYARBAKIR	394.0 ± 88.6	234.0	602.1	22.4
TR 36977	ERZURUM	361.1 ± 70.5	219.0	453.8	19.5
TR 37056	GAZİANTEP	400.0 ± 100.0	243.0	651.8	25.0
TR 50511	İZMİR	430.3 ± 81.8	298.1	582.8	19.0
TR 50654	KARS	419.2 ± 75.9	281.3	561.0	18.1
TR 50674	KASTAMONU	276.4 ± 56.0	196.7	403.2	20.2
TR 47889	KONYA	384.9 ± 93.5	253.1	567.0	24.2
TR 39563	KÜTAHYA	336.8 ± 65.9	241.5	445.5	19.5
TR 48470	ORDU	302.2 ± 69.2	68.6	376.2	22.9
TR 48452	SAKARYA	380.6 ± 49.9	284.7	496.8	13.1
TR 48454	SAMSUN	407.3 ± 85.1	274.1	561.0	20.8
TR 42949	TOKAT	314.2 ± 70.6	181.4	443.7	22.4
TR 49202	TRABZON	431.8 ± 96.5	248.0	643.8	22.3
TR 49214	UŞAK	362.2 ± 70.4	232.7	468.6	19.4
ORTALAMA		366.8			

Çizelge 4.7’de görüldüğü gibi, tek yaprak alanı ortalama 366.9 cm² olarak bulunmuş olup, en geniş yaprak alanını 431.8 cm² ile Trabzon (TR49202) populasyonu gösterirken, aynı populasyonun değişim aralığı minimum 248 cm² maksimum 643.8 cm² olarak bulunmuştur. En düşük yaprak alanı 276.4 cm² ile Kastamonu (TR50674) populasyonunda saptanmıştır. Varyasyon katsayısı en yüksek % 33.2 ile Bursa (TR37630) populasyonunda bulunurken, bunu sırasıyla % 26.8 ile

Artvin ili (TR37484), % 25 ile Gaziantep (TR37056) iline ait populasyonlar takip etmiştir. Varyasyon katsayısı en yüksek Bursa (TR37630) populasyonun değişim aralığı minimum 57.8 cm², maksimum 676.5 cm² ile oldukça geniş bir aralık göstermiştir. En düşük varyasyon ise % 13.1 ile Sakarya (TR48452) populasyonundan elde edilmiştir. Genel olarak incelenen populasyonların, tek yaprak alanı açısından yüksek varyasyon gösterdiği ortaya çıkmıştır.

4.1.1.8. Koçan Uzunluğu

İncelenen 20 populasyonda koçan uzunluğuna ait ortalama, standart sapma, minimum ve maksimum değerler ile varyasyon katsayısı değerleri Çizelge 4.8’de verilmiştir.

Çizelge 4.8. Yirmi Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Koçan Uzunluğuna (cm) Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri

KAYIT NO	İL	ORTALAMA ± STANDART SAPMA	MİN	MAKS	VARYASYON KATSAYISI (%)
TR 51484	ADANA	15.5 ± 2.1	9.0	18.5	13.6
TR 38147	AĞRI	15.5 ± 1.9	11.8	18.5	12.6
TR 37484	ARTVİN	16.6 ± 3.0	11.0	23.5	18.2
TR 37499	AYDIN	14.7 ± 3.0	8.5	21.0	21.0
TR 38422	BOLU	13.6 ± 2.0	10.0	17.0	15.2
TR 37630	BURSA	17.7 ± 1.8	13.0	21.3	10.5
TR 57661	DİYARBAKIR	17.9 ± 2.3	13.5	23.0	13.3
TR 36977	ERZURUM	18.7 ± 2.3	13.0	22.0	12.5
TR 37056	GAZİANTEP	15.1 ± 3.2	9.0	21.5	21.8
TR 50511	İZMİR	18.6 ± 2.0	15.0	23.0	11.2
TR 50654	KARS	19.4 ± 1.9	15.5	22.5	9.8
TR 50674	KASTAMONU	15.1 ± 2.4	10.5	20.0	16.0
TR 47889	KONYA	16.9 ± 2.5	10.5	21.0	15.8
TR 39563	KÜTAHYA	15.5 ± 2.3	11.0	20.0	14.8
TR 48470	ORDU	14.0 ± 2.3	9.0	17.0	16.8
TR 48452	SAKARYA	17.3 ± 2.7	13.0	22.0	16.9
TR 48454	SAMSUN	17.1 ± 2.2	12.0	21.0	14.0
TR 42949	TOKAT	16.9 ± 2.4	13.0	22.0	14.4
TR 49202	TRABZON	20.4 ± 2.3	15.0	25.5	12.0
TR 49214	UŞAK	18.0 ± 3.2	11.0	22.5	18.6
ORTALAMA		16.7			

Çizelge 4.8’de görüldüğü gibi, koçan uzunluğu ortalama 16.7 cm olarak bulunmuş olup en uzun koçan 20.4 cm ile Trabzon (TR49202) populasyonu gösterirken, aynı populasyonun değişim aralığı minimum 15 cm, maksimum 25.5 cm olarak bulunmuştur. En düşük koçan uzunluğu 13.6 cm ile Bolu (TR38422) populasyonda saptanmış, değişim aralığı minimum 10 cm, maksimum 17 cm olarak bulunmuştur. En yüksek varyasyon katsayısını % 21.8 ile Gaziantep (TR37056) populasyonu gösterirken, bunu sırasıyla % 21.0 ile Aydın (TR37499), % 18.6 ile Uşak (TR49214) iline ait populasyonlar takip etmiştir. En düşük varyasyon ise % 9.8 ile (TR50654) Kars populasyonundan elde edilmiştir. Genel olarak incelenen populasyonlar, koçan uzunluğu açısından yüksek varyasyon göstermiştir (Şekil 4.3).



Şekil 4.3. Mısır Populasyonlarında Farklı Koçan Uzunluklarıyla İlgili Görüntüler

4.1.1.9. Koçan Kalınlığı

İncelenen 20 farklı mısır populasyonunun her birisinde Koçan Kalınlığı ile ilgili olarak saptanan ortalama, standart sapma, minimum ve maksimum değerler ile varyasyon katsayısı değerleri Çizelge 4.9’da verilmiştir.

Çizelge 4.9. Yirmi Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Koçan Kalınlığına (cm) Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri

KAYIT NO	İL	ORTALAMA ± STANDART SAPMA	MİN	MAKS	VARYASYON KATSAYISI (%)
TR 51484	ADANA	2.9 ± 3.5	2.3	3.6	11.8
TR 38147	AĞRI	3.4 ± 3.4	3.0	4.3	9.9
TR 37484	ARTVİN	3.5 ± 2.6	3.1	4.2	7.4
TR 37499	AYDIN	3.9 ± 3.1	3.4	4.5	7.9
TR 38422	BOLU	3.8 ± 4.4	3.2	4.6	11.5
TR 37630	BURSA	3.9 ± 3.2	3.5	4.5	8.0
TR 57661	DİYARBAKIR	3.7 ± 4.2	2.8	4.5	11.5
TR 36977	ERZURUM	3.7 ± 5.1	2.8	4.9	13.6
TR 37056	GAZİANTEP	3.6 ± 4.0	2.9	4.3	11.0
TR 50511	İZMİR	4.0 ± 4.0	3.0	4.8	10.1
TR 50654	KARS	4.2 ± 4.2	3.4	5.0	9.9
TR 50674	KASTAMONU	3.3 ± 2.7	2.9	4.0	8.2
TR 47889	KONYA	3.5 ± 3.5	2.7	4.1	10.1
TR 39563	KÜTAHYA	3.7 ± 5.4	2.7	5.0	14.7
TR 48470	ORDU	3.5 ± 1.9	3.1	3.9	5.6
TR 48452	SAKARYA	3.5 ± 3.4	3.5	4.3	9.7
TR 48454	SAMSUN	3.7 ± 3.5	3.0	4.2	9.3
TR 42949	TOKAT	3.5 ± 2.9	3.0	4.1	8.2
TR 49202	TRABZON	3.5 ± 3.3	2.9	4.3	9.6
TR 49214	UŞAK	3.8 ± 4.1	2.8	4.6	10.7
ORTALAMA		3.6			

Çizelge 4.9’da görüldüğü gibi, koçan kalınlığı ortalama olarak 3.6 cm bulunmuş olup, en yüksek koçan kalınlığı 4.2 cm ile Kars (TR50654) iline ait populasyonunda saptanmış olup bunu sırasıyla 4.0 cm ile İzmir ili (TR50511) ve 3.9 cm ile Bursa (TR37630) iline ait populasyonlar takip etmiştir. En yüksek koçan kalınlığına sahip Kars (TR50654) populasyonunun değişim aralığı minimum 3.4 cm, maksimum 5.0

cm olarak bulunmuştur. En düşük koçan kalınlığı 2.9 cm ve değişim aralığı minimum 2.3 cm maksimum 3.6 cm ile Adana (TR51484) populasyonunda saptanmıştır. Varyasyon katsayısı en yüksek % 14.7 ile (TR39563) Kütahya populasyonundan, en düşük varyasyon katsayısı ise % 7.4 ile (TR37484) Artvin populasyonundan elde edilmiştir. İncelenen populasyonlar, koçan kalınlığı açısından yüksek varyasyon göstermiştir (Şekil 4.4)



Şekil 4.4 Farklı Koçan Kalınlığıyla İlgili Görüntü

4.1.1.10. Koçanda Tane Sayısı

İncelenen 20 populasyonda koçanda tane sayısına ait ortalama, standart sapma, minimum ve maksimum değerler ile varyasyon katsayısı değerleri Çizelge 4.10’da verilmiştir.

Çizelge 4.10. Yirmi Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Koçan Tane Sayısına (adet/koçan) Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri

KAYIT NO	İL	ORTALAMA ± STANDART SAPMA	MİN	MAKS	VARYASYON KATSAYISI (%)
TR 51484	ADANA	441.3 ± 87.2	238	576	19.7
TR 38147	AĞRI	262.4 ± 84.9	138	490	32.3
TR 37484	ARTVİN	309.7 ± 83.5	168	504	26.9
TR 37499	AYDIN	322.2 ± 88.5	156	490	27.5
TR 38422	BOLU	386.7 ± 87.0	250	532	22.5
TR 37630	BURSA	418.5 ± 91.2	276	608	21.8
TR 57661	DİYARBAKIR	391.9 ± 83.7	240	532	21.3
TR 36977	ERZURUM	408.5 ± 140.1	60	648	34.3
TR 37056	GAZİANTEP	314.2 ± 120.4	120	600	38.3
TR 50511	İZMİR	575.1 ± 136.3	364	780	23.7
TR 50654	KARS	493.5 ± 114.5	240	666	23.2
TR 50674	KASTAMONU	265.2 ± 60.9	168	360	22.9
TR 47889	KONYA	435.2 ± 155.0	120	720	35.6
TR 39563	KÜTAHYA	281.2 ± 71.2	128	420	25.3
TR 48470	ORDU	295.3 ± 73.8	168	468	25.0
TR 48452	SAKARYA	298.3 ± 77.4	100	408	25.9
TR 48454	SAMSUN	356.3 ± 81.8	256	504	22.9
TR 42949	TOKAT	322.1 ± 66.1	230	468	20.5
TR 49202	TRABZON	418.6 ± 120.8	240	656	28.8
TR 49214	UŞAK	306.1 ± 93.8	144	504	30.6
ORTALAMA		365.1			

Çizelge 4.10’da görüldüğü gibi, koçanda tane sayısı ortalama 365.1 olarak bulunmuş olup, en yüksek koçanda tane sayısını 575.1 ile İzmir (TR50511) populasyonu gösterirken, aynı populasyonun değişim aralığı minimum 364, maksimum 780 bulunmuştur. En düşük koçanda tane sayısı 262.4 ile Ağrı (TR38147) populasyonunda saptanmış ve bu populasyonda, değişim aralığı minimum 138, maksimum 490 olarak bulunmuştur. Varyasyon katsayısı en yüksek % 38.3 ile Gaziantep (TR37056) populasyonunda bulunurken, bunu sırasıyla % 35.6 ile (TR47889) Konya ili, % 34.3 ile Erzurum (TR36977) iline ait populasyonlar takip etmiştir. En yüksek varyasyon katsayısı gösteren Gaziantep (TR37056) populasyonunun değişim aralığı minimum 120, maksimum 600 ile oldukça geniş bir aralık göstermiştir. En düşük varyasyon ise % 19.7 ile Adana (TR51484)

populasyonundan elde edilmiştir. Genel olarak incelenen populasyonların, koçanda tane sayısı açısından yüksek varyasyon gösterdiği ortaya çıkmıştır.

4.1.1.11. Koçanda Tane Ağırlığı

İncelenen 20 farklı mısır populasyonunun her birisinde koçanda tane ağırlığıyla ilgili olarak saptanan ortalama, standart sapma, minimum ve maksimum değerler ile varyasyon katsayısı değerleri Çizelge 4.11’de verilmiştir.

Çizelge 4.11. Yirmi Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Koçanda Tane Ağırlığına (g/koçan) Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri

KAYIT NO	İLİ	ORTALAMA ± STANDART SAPMA	MİN	MAKS	VARYASYON KATSAYISI (%)
TR 51484	ADANA	67.8 ± 23.7	30	114	35.0
TR 38147	AĞRI	78.7 ± 18.6	52	122	23.6
TR 37484	ARTVİN	86.5 ± 27.0	46	144	31.2
TR 37499	AYDIN	81.8 ± 22.0	46	118	26.9
TR 38422	BOLU	84.0 ± 19.1	50	122	22.7
TR 37630	BURSA	120.3 ± 29.3	70	180	24.4
TR 57661	DİYARBAKIR	107.5 ± 35.8	44	192	33.3
TR 36977	ERZURUM	120.7 ± 42.4	32	190	35.1
TR 37056	GAZİANTEP	70.5 ± 27.8	26	118	39.5
TR 50511	İZMİR	146.3 ± 51.4	36	246	35.1
TR 50654	KARS	150.0 ± 42.4	62	204	28.2
TR 50674	KASTAMONU	83.0 ± 25.0	20	130	30.2
TR 47889	KONYA	77.6 ± 26.8	34	122	34.5
TR 39563	KÜTAHYA	89.8 ± 25.8	36	124	28.8
TR 48470	ORDU	66.3 ± 14.5	36	90	21.8
TR 48452	SAKARYA	81.4 ± 23.8	34	126	29.3
TR 48454	SAMSUN	109.2 ± 22.7	70	154	20.7
TR 42949	TOKAT	110.1 ± 30.3	62	176	27.5
TR 49202	TRABZON	144.3 ± 46.7	62	216	32.3
TR 49214	UŞAK	173.3 ± 48.0	80	246	27.6
ORTALAMA		101.8			

Çizelge 4.11’de görüldüğü gibi, koçanda tane ağırlığı ortalama 101.8 g olarak bulunmuş olup, en yüksek tane ağırlığının 173.3 g ile Uşak (TR49214) populasyonu gösterirken, aynı populasyonun değişim aralığı minimum 80 g

maksimum 246 g olarak bulunmuştur. En düşük tane ağırlığı 66.3 g ile Ordu (TR48470) populasyonunda saptanmıştır. Bu populasyonda, değişim aralığı minimum 36 g maksimum 90 g olarak bulunmuştur. Varyasyon katsayısı en yüksek % 39.5 ile Gaziantep (TR37056) populasyonunda bulunurken, bunu sırasıyla % 35.0 ile Adana (TR51484) ili, % 34.5 ile Konya (TR47889) iline ait populasyonlar takip etmiştir. En yüksek varyasyon katsayısını gösteren Gaziantep (TR37056) populasyonunda değişim aralığı minimum 26 g, maksimum 118 g ile oldukça geniş bir aralık göstermiştir. En düşük varyasyon katsayısı ise % 20.7 ile (TR48454) Samsun populasyonundan elde edilmiştir. Genel olarak incelenen populasyonların, koçan tane ağırlığı açısından yüksek varyasyon gösterdiği ortaya çıkmıştır.

4.1.1.12.Tane Oranı

İncelenen 20 populasyonda tane oranına ait ortalama, standart sapma, minimum ve maksimum değerler ile varyasyon katsayısı değerleri Çizelge 4.12’de verilmiştir.

Çizelge 4.12’de görüldüğü gibi, koçanda tane oranı ortalama % 81 olarak bulunmuş olup, en yüksek tane oranını %85.5 ile Tokat (TR42949) populasyonu gösterirken, aynı populasyonun değişim aralığı minimum % 48.6 maksimum % 91.1 bulunmuştur. En düşük tane oranı % 75.8 ile Gaziantep (TR37056) populasyonundan elde edilmiştir. Varyasyon katsayısı en yüksek % 23.2 ile İzmir (TR50511) populasyonu bulunurken, bunu % 18.9 ile Gaziantep(TR37056) populasyonu takip etmiştir. En yüksek varyasyon katsayısını gösteren İzmir (TR50511) populasyonunun değişim aralığı minimum % 68.5, maksimum % 90.9 ile geniş bir aralık göstermiştir. En düşük varyasyon katsayıları ise % 2.4 ile Trabzon (TR49202) % 3.4 ile Uşak ve % 4.7 ile (TR37630) Bursa populasyonlarından elde edilmiştir. Genel olarak incelenen populasyonların, Tane oranı açısından yüksek varyasyon gösterdiği ortaya çıkmıştır.

Çizelge 4.12.Yirmi Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Tane Oranına (%) Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri

KAYIT NO	İL	ORTALAMA ± STANDART SAPMA	MİN	MAKS	VARYASYON KATSAYISI (%)
TR 51484	ADANA	80.8± 0.08	54.5	90.6	10.4
TR 38147	AĞRI	82.8 ± 0.04	73.7	91.4	5.7
TR 37484	ARTVİN	80.0 ± 0.05	13.2	89.7	7.3
TR 37499	AYDIN	82.7 ± 0.05	66.7	87.8	6.0
TR 38422	BOLU	83.8 ± 0.06	66.4	89.3	6.5
TR 37630	BURSA	82.7± 0.04	76.6	89.1	4.7
TR 57661	DİYARBAKIR	80.7 ± 0.12	46.4	87.7	15.3
TR 36977	ERZURUM	79.4 ± 0.08	56.1	87.2	10.3
TR 37056	GAZİANTEP	75.8 ± 0.14	65.9	90.0	18.9
TR 50511	İZMİR	78.5 ± 0.18	68.5	90.9	23.2
TR 50654	KARS	82.9 ± 0.06	45.9	91.0	6.9
TR 50674	KASTAMONU	84.5 ± 0.07	47.4	91.6	9.3
TR 47889	KONYA	78.0 ± 0.12	57.9	92.3	15.7
TR 39563	KÜTAHYA	79.8 ± 0.08	50.0	87.7	10.1
TR 48470	ORDU	78.6 ± 0.12	65.4	92.1	15.2
TR 48452	SAKARYA	77.0 ± 0.12	57.8	90.5	15.0
TR 48454	SAMSUN	81.8 ± 0.05	46.6	90.6	5.8
TR 42949	TOKAT	85.5 ± 0.04	48.6	91.1	4.8
TR 49202	TRABZON	83.1 ± 0.02	70.7	87.2	2.4
TR 49214	UŞAK	84.8 ± 0.03	55.8	90.4	3.4
ORTALAMA		81.0			

4.1.1.13. Bitkide Tane Verimi

İncelenen 20 farklı mısır populasyonunun her birisinde bitkide tane verimiyle ilgili olarak saptanan ortalama, standart sapma, minimum ve maksimum değerler ile varyasyon katsayısı değerleri Çizelge 4.13’de verilmiştir.

Çizelge 4.13’de görüldüğü gibi, bitkide tane verimi ortalama 116.2 g olarak bulunmuş olup, bitkide tane verimi en yüksek 176.4 g ile İzmir (TR50511) populasyonunda bulunurken, bunu sırasıyla 175.7 g ile Uşak (TR49214), 159.5 g ile Samsun (TR48454) populasyonu takip etmiştir. Bitkide tane verimi en düşük 77.8 g ile Adana (TR51484) populasyonunda elde edilmiştir.

Çizelge 4.13. Yirmi Farklı Mısır Populasyonundan Elde Edilen Bitkide Tane Verimine (g/bitki) Ait Ortalama, Standart Sapma, Minimum ve Maksimum Değişim Aralığı ile Varyasyon Katsayısı Değerleri

KAYIT NO	İL	ORTALAMA ± STANDART SAPMA	MİN	MAKS	VARYASYON KATSAYISI (%)
TR 51484	ADANA	77.8 ± 26.3	30	118	33.8
TR 38147	AĞRI	94.4 ± 28.5	54	172	30.2
TR 37484	ARTVİN	123.1 ± 48.1	46	272	39.1
TR 37499	AYDIN	86.0 ± 31.8	46	184	37.0
TR 38422	BOLU	91.2 ± 27.2	50	156	29.8
TR 37630	BURSA	120.3 ± 29.3	70	180	24.4
TR 57661	DİYARBAKIR	117.6 ± 33.3	60	192	28.3
TR 36977	ERZURUM	141.1 ± 56.1	52	268	39.7
TR 37056	GAZİANTEP	87.8 ± 35.3	28	142	40.2
TR 50511	İZMİR	176.4 ± 48.2	96	252	27.3
TR 50654	KARS	153.2 ± 44.1	62	204	28.7
TR 50674	KASTAMONU	89.7 ± 31.1	20	152	34.6
TR 47889	KONYA	88.0 ± 35.4	34	166	40.2
TR 39563	KÜTAHYA	107.8 ± 31.7	36	176	29.4
TR 48470	ORDU	82.5 ± 39.6	14	184	48.1
TR 48452	SAKARYA	105.6 ± 44.0	34	208	41.6
TR 48454	SAMSUN	159.5 ± 43.7	102	252	27.4
TR 42949	TOKAT	113.0 ± 36.4	62	208	32.2
TR 49202	TRABZON	144.3 ± 46.7	62	216	32.3
TR 49214	UŞAK	175.7 ± 49.8	80	246	28.3
ORTALAMA		116.2			

Varyasyon katsayısı en yüksek % 48.1 ile Ordu (TR48470) populasyonunda saptanırken, bunu sırasıyla % 41.6 ile Sakarya (TR48452), % 40.2 ile Gaziantep (TR37056) ve Konya (TR 47889) iline ait populasyonlar takip etmiştir. En yüksek varyasyon katsayısını gösteren Ordu populasyonunun değişim aralığı minimum 14 g, maksimum 184 g ile oldukça geniş bir aralık göstermiştir. En düşük varyasyon katsayısı ise % 24.4 ile Bursa (TR37630) populasyonundan elde edilmiştir. Genel olarak incelenen populasyonların, bitkide tane verimi açısından yüksek varyasyon gösterdiği ortaya çıkmıştır.

4.1.2. Populasyonlar Arası Varyans

20 Farklı mısır populasyonunda incelenen 13 morfolojik özelliğe ait, ortalama, minimum ve maksimum değerler ile varyasyon katsayısı değerleri 4.14’de verilmiştir.

Çizelge 4.14. Yirmi Farklı Mısır Populasyonunda İncelenen 13 Morfolojik Özelliğe Ait, Ortalama, Minimum ve Maksimum Değerler ile Varyasyon Katsayısı Değerleri.

İNCELENEN ÖZELLİKLER	ORTALAMA ± STANDART SAPMA	MİN	MAKS	VARYASYON KATSAYISI (%)
Tepe Püsk. Çıkış Sür.	63.6 ± 4.8	50	77	7.5
Bitki Boyu	171.8 ± 38.8	87	305	22.6
Koçan Yüksekliği	83.7 ± 28.3	21	190	33.8
Sap Kalınlığı	18.8 ± 1.8	10	30	9.7
Yaprak Açısı	36.1 ± 7.7	5	94	21.4
Yaprak Sayısı	10.8 ± 1.6	6	15	15.6
Yaprak Alanı	366.8 ± 43.3	58	677	11.8
Koçan Uzunluğu	16.7 ± 1.8	8,5	26	10.9
Koçan Kalınlığı	36.7 ± 2.7	23	50	7.5
Koçanda Tane Sayısı	365.1 ± 82.6	60	780	22.6
Koçanda Tane Ağırlığı	101.8 ± 1.0	14	246	30.4
Bitkide Tane Verimi	116.2 ± 31.5	14	272	27.1
Tane Oranı	81.0 ± 0.03	13	92.3	3.5

Çizelge 4.14’de görüldüğü gibi Türkiye orijinli yerel mısır populasyonları arasında incelenen morfolojik özellikler bakımından genelde yüksek bir varyasyon saptanmıştır. Özellikle koçan yüksekliği (%33.8), koçanda tane ağırlığı (%30.4), bitkide tane verimi (%27.1) ve koçanda tane sayısı (%22.6) özellikleri kendi içinde yüksek varyasyon değerleri ile dikkat çekmiştir. Bununla birlikte, tane oranı(%3.5), koçan kalınlığı (%7.5) ve tepe püskülü çıkış süresi (%7.5) bakımından yeteri kadar yüksek bir varyasyon saptanmamıştır. Tane oranı bakımından populasyonlar arasında (% 3.5) yüksek varyasyon göstermez iken populasyon içi oldukça yüksek varyasyon saptanmıştır. Koçanda tane ağırlığı (minimum14-maksimum 246) ve bitki

verimi (minimum14-maksimum 272), oldukça yüksek bir değişim aralığına sahip olduğu gözlemlenmiştir.



Şekil 4.5. Populasyonlar Arası Farklı Koçan Boylarıyla İlgili Görüntü

Mısırdaki çiçeklenme zamanı genellikle çimlenmeden 40-100 gün sonra olabilmekte ve genellikle çevre şartlarının etkisi altında bulunmaktadır. Bu çalışmada, 20 populasyonun tepe püskülü çıkarma süresinin 50 ile 74 gün arasında değişim gösterdiği ve ortalamanın 63.3 gün olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.14). Valdemar ve ark., (2004) 79 köy çeşidinde çiçeklenme zamanını araştırmış ve bu değer 69 ile 84 gün, Azar ve ark., (1997) ise 61.7-67.3 gün arasında değiştiğini, Beyene ve ark., (2005) ise 48-76 gün arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Bunun yanında tepe püskülü çıkarma süresinin populasyonlar arası varyasyonunun (% 7.5) yüksek olmadığı tespit edilmiştir.

Çalışılan 20 populasyonun bitki boyunun 87 ile 305 cm arasında değişim gösterdiği ve ortalamanın 171.8 cm olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.14). Ruiz de Galarreta ve Alvarez (2001) yaptıkları çalışmada değişim aralığının 102 ile 324 cm arasında ve ortalamanın 189 cm olduğunu, Azar ve ark., (1997) değişim aralığının

215 ile 274 cm arasında ve ortalamanın 247 cm olduğunu , Rebourg ve ark., (2001), deęişim aralığının 82.4 ile 206.7 cm arasında ve ortalamanın 164 cm olduğunu, Beyene ve ark., (2005) deęişim aralığının 155 ile 310 cm arasında ve ortalamanın 218 cm olduğunu ve Pinheiro de Carvalho ve ark. (2008) ortalamanın 218 cm olduğunu bildirmişlerdir. Çalıştığımız populasyonlar bitki boyu bakımından hem populasyon içi hem de populasyonlar arası yüksek varyasyon göstermiştir. Aynı araştırmacılar bitki boyu açısından yüksek varyasyon bulduklarını bildirerek bulgularımızı desteklemiştir.

Bitki boyunda olduğu gibi koçan yüksekliğinde de çalışılan populasyonlar arasında yüksek varyasyon görülmüştür. 20 populasyonun koçan yüksekliğinin 21 cm ile 190 cm arasında deęişim gösterdiği ve ortalamanın 83.7 cm olduğu bulunmuştur(Çizelge 4.14). Azar ve ark., (1997) yaptıkları çalışmada ortalamanın 82.7 cm, deęişim aralığının 66 cm ile 103 cm, Ruiz de Galarreta ve Alvarez (2001,) ortalamanın 67 cm, deęişim aralığının 17 cm ile 149 cm olduğunu rapor etmişlerdir. Aynı araştırmacılar bulgularımıza paralel olarak bu özelliğin yüksek varyasyon gösterdiğini bildirmişlerdir.

İncelenen özellikler arasındaki sap kalınlığı yatmaya dayanıklılık açısından önemli bir özelliktir. Çalışılan 20 populasyonun sap kalınlığının 10 ile 30 mm arasında deęişim gösterdiği ve ortalamanın 18.8 mm olduğu saptanmıştır. Louette ve Smale (2000) 10 köy populasyonunda sap kalınlığını araştırmış ve bu değerin 16 ile 19.9 mm arasında deęiştiğini rapor etmişlerdir. İncelen populasyonlar sap kalınlığı yönünden populasyon içi oldukça yüksek, populasyon arası düşük (% 9.7) varyasyon göstermiştir.

Çalışılan 20 populasyonda, yaprak sayısı hem populasyon içi hem de populasyonlar arası (%15.6) yüksek varyasyon göstermiştir. Yaprak sayısı deęişim aralığı 6 ile 15 arasında bulunurken Ruiz de Galarreta ve Alvarez (2001) yapmış oldukları araştırmada yaprak sayısını yine 6 ile 15 arasında bulmuşlardır. 20 yerel mısır populasyonunun yaprak sayısı ortalaması 10.8 olarak bulunmuştur. Ruiz de Galarreta ve Alvarez (2001) yapmış oldukları araştırmada yaprak sayısı ortalamasını 10.2 ve Pinheiro de Carvalho ve ark. (2008) 10.9 gibi bulgularımıza çok yakın

deęerler bulmuřlardır. Buna karřın Azar ve ark.(1997) yapmıř oldukları alıřmada yaprak sayısının dūřuk varyasyon gōsterdięini rapor etmiřlerdir.

Bitkide, yaprak asimilasyon gōrevi yaptığından, yaprak alanı incelenen önemli özelliklerdendir. alıřılan 20 populasyonun yaprak alanı 58 cm² ile 677 cm² gibi olduka geniř bir aralıęa sahiptir (izelge 4.14). Populasyonların ortalaması 366.8 olarak bulunmuřtur. İlarslan ve ark. (2002) ve Ruiz de Galarreta ve Alvarez (2001) ortalamayı sırasıyla 611.4 ve 555 olarak bulmuřlardır. alıřılan 20 populasyon yaprak alanı hem populasyon ii hem de populasyonlar arası yūsek varyasyon gōstermiřtir. Bununla birlikte, Ruiz de Galarreta ve Alvarez (2001) inceledikleri tūm özellikler ierisinden yaprak alanının populasyonlar arası en yūsek varyasyona sahip olduęunu bildirmiřlerdir.

Arařtırmada incelenen 20 populasyonun koan uzunluęunun 8.5 ile 26 cm arasında deęiřim gōsterdięi ve ortalamanın 16.77 cm olduęu bulunmuřtur. Azar ve ark., (1997) koan uzunluęunun ortalamasın 16.77 cm ve deęiřim aralıęının 8.5 ile 26 cm arasında, Ruiz de Galarreta ve Alvarez (2001) ortalamanın 14.8 cm ve deęiřim aralıęının 7 ile 24 cm arasında, Rebourg ve ark., (2001), ortalamanın 13.8 cm ve deęiřim aralıęının 8.6 ile 17.9 cm arasında, Beyene ve ark., (2005) ortalamanın 18.1 cm ve deęiřim aralıęının 11.2 ile 22 cm arasında deęiřtięini rapor etmiřlerdir. İncelen 20 populasyonda koan uzunluęu, hem populasyon ii hem de populasyonlar arası yūsek varyasyon gōstermiřtir. Beyene ve ark., (2005) ve Pinheiro de Carvalho ve ark.(2008)'nın yapmıř oldukları alıřmaların bulguları, bulgularımızı desteklemektedir.

Arařtırmada incelenen 20 populasyonun koan kalınlıęının 2.3 cm ile 5.0 cm arasında deęiřim gōsterdięi ve ortalamanın 3.6 cm olduęu bulunmuřtur. Azar ve ark., (1997) yapmıř oldukları arařtırmada, koan kalınlıęının deęiřim aralıęının 3.2 ile 3.7 cm arasında, ortalamasının 3.5 cm, Rebourg ve ark., (2001), ortalamanın 3.8 cm ve deęiřim aralıęının 2.3 ile 4.9 cm arasında, Beyene ve ark., (2005) ortalamanın 3.9 cm ve deęiřim aralıęının 3.3 ile 4.9 cm arasında deęiřtięini rapor etmiřlerdir. İncelenen 20 populasyonda koan kalınlıęı hem populasyon ii hem de populasyonlar arası dūřuk varyasyon (%7.5) gōstermemiřtir.

Araştırmada incelenen 20 populasyonun bitkide tane verimi 14 g ile 272 g arasında oldukça geniş bir değişim aralığı göstermiş ve ortalama tek bitki veriminin 116.25 g olduğu bulunmuştur. Bitkide tane veriminin populasyonlar arası varyasyon katsayısı % 27.14 ile oldukça yüksek bir varyasyona sahip olduğu saptanmıştır. Bitkide tane verimi populasyonlar arası yüksek varyasyon gösterdiği gibi populasyon içinde de (% 48'lere varan varyasyon katsayısıyla) yüksek varyasyon göstermiştir.

Özellikle açık tozlanan mısır populasyonlarının, hem doğal seleksiyon baskısı altında hem de yerel çiftçilerin baskısı altında kalmasından dolayı belli bölgelere adapte olmuştur ve farklı yerel mısır populasyonlarının süreç içerisinde gelişmesi beklenmektedir (Pressoir ve Berthaud, 2004). Bundan dolayı eldeki yerel mısır populasyonlarının geniş bir resminin çekilmesi bu bağlamda oldukça önemlidir. Son yıllarda melez mısır populasyonlarının toplanması ve bunların morfolojik seviyede karakterizasyonunun yapılması çekici konuların başında gelmektedir. Özellikle yerel populasyonların incelenmesi belli bir süreç içerisinde yerel çiftçi baskısı altında kalan yerel populasyonlarının nasıl seleksiyona tabi kaldığının belirlenmesi bakımından da önemlidir. Bu konudaki en iyi örneklerden birisi Pressoir ve Berthaud (2004)'nin çalışmasıyla ortaya konulmuştur. Araştırmacılar, Meksika'nın Oxaca bölgesinden toplamış oldukları yerel mısır populasyonlarında morfolojik karakterizasyon çalışması yapmışlar ve bu araştırma sonunda özellikle çiftçilerin seleksiyon kriteri olarak koçan özelliklerini kullandıklarını bildirmişlerdir. Yine bir başka araştırmacı Louette ve Smale (2000) Meksikanın Cuzalapa bölgesinde çiftçilerin bir sonraki yıl için seçtikleri tohumluğu hangi kriterlere bakarak yaptıklarını araştırmışlar ve çiftçilerin tohumluklarını koçan özelliklerine bakarak seleksiyon yaptıklarını rapor etmişlerdir. Aynı araştırmacı, her bir çiftçinin bu işi ortalama 25 generasyon boyunca gerçekleştirdiğini bildirmiştir.

Morfolojik varyasyonlara bakıldığında (Çizelge 4.1- 4.14) bazı özellikler bakımından populasyonların birbirlerine çok benzedikleri fakat toplanma yerinin birbirlerinden çok uzak olduğu saptanmıştır. Mesela, Ağrı, Kastamonu ve Konya populasyonları kısa boylu olmasına rağmen toplanma yerleri arasında yaklaşık 600-700 km 'lik bir mesafe ve yükseklik farkı bulunmaktadır. Nitekim Pressoir ve Berthaud, (2004)'te incelemiş oldukları Meksika yerel populasyonu için benzer

sonuçlar bulmuştur. Yukarıdakilere ilave olarak, bölgeler arasında bir tohum alış-verişinden bahsetmenin mümkün olduğu düşünülmektedir. Nitekim bölgeler arası tohum alış-verişinin bulunduğunu Pressoir ve Berthaud, (2004) yerel Meksika mısır popülasyonlarını kullanarak yapmış olduğu çalışmada göstermiştir. Bölgeler arası tohum alışverişinin ülkemizde de söz konusu olabileceği düşünülmelidir.

4.2.2. İncelenen Özellikler Arasında Saptanan Korelasyon Katsayıları

İncelen özellikler arasında saptanan korelasyon katsayıları **Çizelge 4.15** 'de verilmiştir. Çizelge 4.15 incelendiğinde sırasıyla aşağıda açıklanan sonuçların saptandığı görülmektedir.

Tepe püskülü çıkış süresi ile bitki boyu (0.759**), koçan yüksekliği (0.736**), sap kalınlığı (0.743**), yaprak sayısı (0.846**), tek yaprak alanı (0.682**), koçan uzunluğu (0.767**), koçan tane sayısı(0.728**) koçan tane ağırlığı (0.656**) ve bitki verimi (0.574**) arasında % 1 düzeyinde olumlu ve önemli, koçan kalınlığı (0.414) ve tane oranı (0.042) arasında olumlu fakat önemsiz, yaprak açısı arasında olumsuz ve önemsiz ilişkiler saptanmıştır.

Bitki boyu ile koçan yüksekliği (0.968**), sap kalınlığı (0.731**), yaprak sayısı (0.900**), tek yaprak alanı (0.680**), koçan uzunluğu (0.801**), koçan tane ağırlığı (0.696**) ve bitki verimi (0.667**) arasında % 1 düzeyinde, koçan tane sayısı(0.528*) arasında 0.05 düzeyinde olumlu ve önemli koçan kalınlığı (0.340) ve tane oranı (0.138) arasında olumlu fakat önemsiz, yaprak açısı (-0.414) arasında olumsuz ve önemsiz ilişkiler saptanmıştır.

Koçan yüksekliği ile sap kalınlığı (0.738**), yaprak sayısı (0.868**), tek yaprak alanı (0.707**), koçan uzunluğu (0.703**), koçan tane ağırlığı (0.591**) ve bitki verimi (0.562**) arasında % 1 düzeyinde, koçan tane sayısı(0.538*) arasında % 5 düzeyinde olumlu ve önemli koçan kalınlığı (0.365) ve tane oranı (0.047) arasında olumlu fakat önemsiz, yaprak açısı (-0.453) arasında olumsuz ve 0.05 düzeyinde önemli ilişkiler saptanmıştır.

Çizelge 4.15. Araştırmada Yer Alan 20 Mısır Populasyonunda İncelenen Özellikler Arasında Hesaplanan Korelasyon Katsayıları

NO	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13
01	0.759**	0.736**	0.743**	-0.379	0.846**	0.682**	0.767**	0.414	0.728**	0.656**	0.574**	0.042
02	-	0.968**	0.731**	-0.414	0.900**	0.680**	0.801**	0.340	0.528*	0.696**	0.667**	0.138
03	-	-	0.738**	-0.453*	0.868**	0.707**	0.703**	0.365	0.538*	0.591**	0.562**	0.047
04	-	-	-	-0.677**	0.813**	0.860**	0.736**	0.545*	0.725**	0.513*	0.619**	-0.250
05	-	-	-	-	-0.364	-0.595**	-0.399	-0.404	-0.337	-0.213	-0.333	0.521*
06	-	-	-	-	-	0.685**	0.772**	0.527*	0.693**	0.745**	0.725**	0.198
07	-	-	-	-	-	-	0.714**	0.476*	0.678**	0.515*	0.585**	-0.287
08	-	-	-	-	-	-	-	0.363	0.550*	0.803**	0.769**	0.068
09	-	-	-	-	-	-	-	-	0.377	0.599**	0.593**	0.088
10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.450*	0.447*	-0.114
11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.907**	0.416
12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.200

01-Tepe püskülü, 02-Bitki Boyu, 03-Koçan Yüksekliği, 04-Sap kalınlığı, 05-Yaprak Açısı, 06-Bitkide Yaprak Sayısı, 07-Tek Yaprak Alanı, 08-Koçan Uzunluğu, 09-Koçan Kalınlığı, 10-Koçanda Tane Sayısı, 11-Koçanda Tane Ağırlığı, 12-Bitki Verimi, 13-Tane Oranı
 *=%5 düzeyinde önemli, **=%1 düzeyinde önemli

Sap kalınlığı ile yaprak sayısı (0.813**), tek yaprak alanı (0.860**), koçan uzunluğu (0.736**), koçan tane sayısı(0.725**) ve bitki verimi (0.619**) arasında 0.01 düzeyinde, koçan tane ağırlığı (0.513*), koçan kalınlığı (0.545*) arasında % 5 düzeyinde olumlu ve önemli ve yaprak açısı (-0.677**) arasında % 1 düzeyinde olumsuz ve önemli, tane oranı (-0.250) arasında olumsuz fakat önemsiz ilişkiler saptanmıştır.

Yaprak sayısı ile tek yaprak alanı (0.685**), koçan uzunluğu (0.772**), koçan tane sayısı(0.693**), koçan tane ağırlığı (0.745**) ve bitki verimi (0.725**) arasında % 1 düzeyinde, koçan kalınlığı (0.527*) arasında % 5 düzeyinde olumlu ve önemli ve tane oranı (0.198) arasında olumlu fakat önemsiz ilişkiler saptanmıştır

Tek yaprak alanı ile koçan uzunluğu (0.714**), koçan tane sayısı(0.678**) ve bitki verimi (0.585**) arasında % 1 düzeyinde, koçan kalınlığı (0.476*), koçan tane ağırlığı (0.515*) arasında % 5 düzeyinde olumlu ve önemli ve tane oranı (-0.287) arasında olumsuz ilişkiler saptanmıştır

Koçan uzunluğu ile koçan tane ağırlığı (0.803**) ve bitki verimi (0.769**) arasında % 1 düzeyinde, koçan tane sayısı(0.550*) arasında % 5 düzeyinde olumlu ve önemli koçan kalınlığı (0.363) ve tane oranı (0.068) arasında olumlu fakat önemsiz ilişkiler saptanmıştır

Koçan kalınlığı ile koçan tane ağırlığı (0.599**) ve bitki verimi (0.593**) arasında % 1 düzeyinde olumlu ve önemli, koçan tane sayısı(0.377) ve tane oranı (0.088) arasında olumlu fakat önemsiz ilişkiler saptanmıştır

Koçan tane sayısı ile koçan tane ağırlığı (0.450*) bitki verimi (0.447*) arasında % 5 düzeyinde olumlu ve önemli, tane oranı (-0.114) arasında olumlu fakat önemsiz ilişkiler saptanmıştır

Koçan tane ağırlığı ile bitki verimi (0.907**) arasında % 1 düzeyinde olumlu ve önemli, tane oranı (0.416) arasında olumlu fakat önemsiz ilişkiler saptanmıştır. Bitki verimi ile tane oranı (0.200) arasında olumlu fakat önemsiz ilişki saptanmıştır. **Beyene, (2005)** Etiyopya'nın taban arazilerine adapte olmuş 62 yerel popülasyonda, 15 morfolojik özellik kullanarak genetik çeşitliliği araştırmış ve özellikler arasında korelasyonu incelemiştir. Korelasyon sonucunda Tepe püskülü çıkış süresi ile bitki boyu (0.740**), koçan yüksekliği (0.740**), yaprak sayısı (0.460**), koçan

uzunluğu (0.620**), bitki boyu ile koçan yüksekliği (0.990**), yaprak sayısı (0.490**), koçan uzunluğu (0.700**), koçan kalınlığı (0.330**), Koçan yüksekliği ile yaprak sayısı (0.470**), koçan uzunluğu (0.600**), koçan kalınlığı (0.420**) arasında % 1 düzeyinde olumlu ve önemli ilişkiler saptamıştır. Yukarıda ifade edilen araştırmanın özellikler arası korelasyon bulguları, çalışmamızdan elde edilen korelasyon bulgularını bire bir desteklemektedir.

4.3. Moleküler (SSR) Analizler

20 Farklı mısır köy popülasyonunu moleküler olarak karakterize etmek ve bu köy popülasyonları arasındaki genetik ilişkiyi tanımlamak için DNA moleküler markörü olarak Simple Sequence Repeat (SSR) tekniği kullanılmıştır. Araştırmada <http://www.maizegdb.org/> (Mısır Genome Data Bankası) sayfasından seçilen 13 adet SSR primeri kullanılmıştır. SSR primerlerinin mısır genomunu tam temsil etmesi için her kromozoma lokalize olmuş SSR lokusları seçilmiş ve araştırmada bu lokuslara özel SSR primerleri kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan 13 SSR lokusuna ait bazı PCR sonuçları Şekil 4.6, Şekil 4.7 Şekil 4.8, Şekil 4.9 ve Şekil 4.10'da verilmiştir.

20 yerel mısır popülasyonu içinde kullanılan 13 SSR primeri toplam 53 allel üretmiş olup, ortalama SSR lokusu başına 4,07 allel saptanmıştır. Araştırmada 20 yerel mısır popülasyonunda kullanılan SSR'ların allel sayısı, tekrarlama tipi, bulunduğu kromozom, allel büyüklüğü (bç olarak) ve PIC (Polymorphism Information Content) değerleri Çizelge 4.16'de verilmiştir. Çizelge 4.16 incelendiğinde en az allelin 2 ile PHI113 lokusundan, en fazla allelin ise 5 ile UMC1403, PHI127, PHI128, UMC1178, PHI084 ve PHI035 lokuslarından elde edildiği görülmektedir. Kullanılan SSR'larda yaklaşık allel uzunluğu (bç) 84 baz çifti (bç) ile 221 bç arasında değişmiş olup, allel büyüklüğü en uzun 221 bç ile PHI084 isimli SSR lokusundan en kısa ise 84 bç uzunluğu ile PHI015 isimli SSR lokusundan elde edilmiştir. Pejic ve ark. (1998), mısırdaki 27 SSR primeri kullanarak yaptıkları çalışmada SSR başına 6.8 allel bulmuşlardır. Senior ve ark. (1998) 94 saf hatta 70 SSR kullanarak yapmış oldukları çalışmada toplam bant sayısının 365 olduğunu, lokus başına düşen allel sayısının 2 ile 23 arasında değiştiğini ve ortalama allel sayısının 5 olduğunu bildirmişlerdir. Kozhukhova ve Sivolap (2004), 17 tek melez ve 23 saf mısır hattında 10 SSR primeri kullanarak yaptıkları çalışmada allel sayısının 2 ile 5 arasında değişim gösterdiğini, ortalama allel sayısının ise 2.8 olduğunu bildirmişlerdir. Le Clerck ve ark., (2005) 123 tek, çift ve üçlü melez mısır çeşidinde ve 10 popülasyonda, 51 SSR markörü kullanarak yaptıkları araştırma sonucunda, çalışmada kullandıkları çeşitleri 4 gruba ayırıp (1975 öncesi, 1976-1985

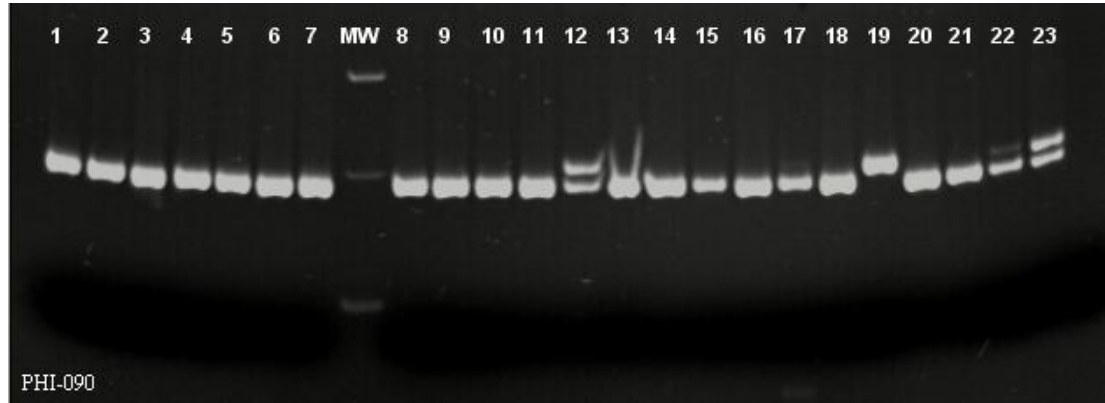
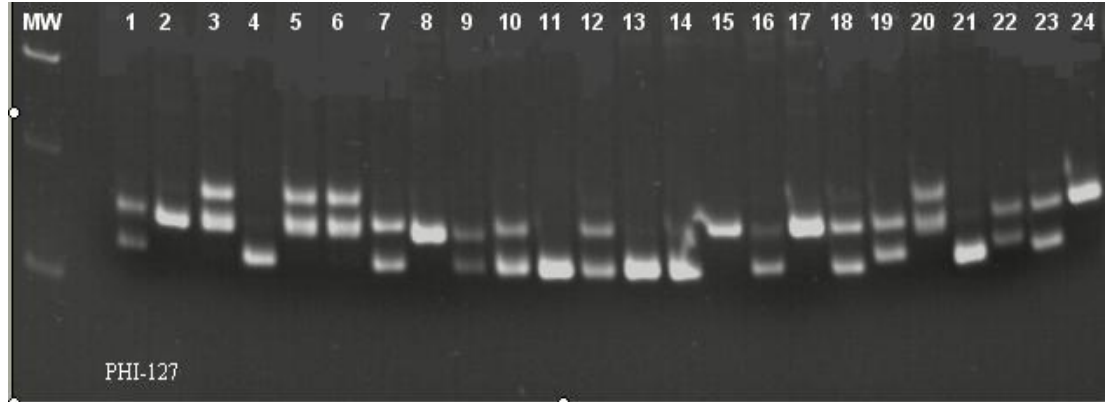
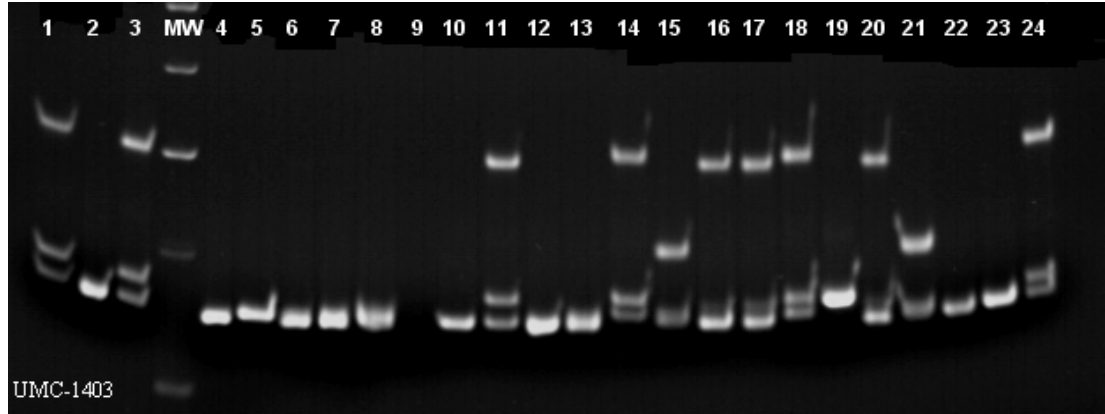
arası, 1985-1995 arası ve 1996 sonrası çeşitler), her grubu kendi içinde değerlendirip grubun SSR lokusu başına düşen allel sayısının sırasıyla 4.5, 3.6, 3.9 ve 3.6 olduğunu ve toplam 239 allel saptandığını bildirmişlerdir. Laborda ve ark. (2005) yapmış oldukları çalışmada 85 tropik kökenli saf mısır hattında SSR primeri kullanarak, toplam 262 bant ve ortalama 5.2 allel bulmuşlardır. Enoki ve ark., (2005) 88 atışı ve sert mısır saf hattında, 60 SSR lokusu içerisinde iki ayrı set oluşturulup birinci sette 25 SSR lokus (allel frekansı=0.4) ikinci sette 14 SSR lokus (allel frekansı=0.5) kullanarak yaptıkları çalışmada sırasıyla toplam 176 ve 99 allel elde etmişlerdir. Reif ve ark. (2005), 5 sert mısır 55 SSR markörü kullandıkları çalışmada, DNA'ları hem bulk hem de tek bitki halinde analiz yapmışlar lokus başına allel sayısını tek bitkide 5.9, bulk DNA'da ise 3.2 bulmuşlardır. Beyene ve ark. (2006) Etiyopya'nın 62 mısır popülasyonunda 20 SSR markörü kullanarak yapmış oldukları bu çalışmada SSR lokusu başına ortalama allel sayısını 4.9 olarak belirlemişlerdir. Araştırmada kullanılan bazı SSR primerleri beklenenden fazla allel sayısı vermiştir. Aslında kullanılan materyal açık tozlanan yerel mısır popülasyonu olduğu için bu durum beklenen bir olaydır. Nitekim, Warburton ve ark. (2002) 57 saf mısır hattında ve 7 popülasyonda 85 SSR lokusu kullandıkları araştırma sonucunda, saf hatlardan toplam 416 bant ve ortalama 4.9 allel, popülasyonlardan ise toplam 531 band ve ortalama 6.3 allel saptamışlardır. Bu araştırma sonuçları ve yukarıda ifade edilen çalışmalardan elde edilen sonuçlar, her ne kadar kullanılan SSR lokusları ve mısır popülasyon veya genotipleri farklılık gösterse de birbirini destekler niteliktedir.

Polimorfizim Bilgi içeriği (Polymorphisim Information Content, PIC) değeri genellikle farklı moleküler markörlerin karşılaştırılmasında kullanılan etkin bir parametre olmakla beraber herhangi bir DNA marköründe kullanılan primerlerin etkinlik derecelerinin saptanmasında da kullanılabilecek değerlendirme kriteridir (Hongtrakul ve ark., 1997; Lübbersted ve ark., 2000; Manifesto ve ark., 2001; Garcia ve ark., 2004). Bu çalışmada ortalama PIC değeri 0.73 olup en düşük 0.52 ile Umc1178 lokusundan, en yüksek ise 0.95 ile Nc135 lokusundan elde edilmiştir (Çizelge 4.16).

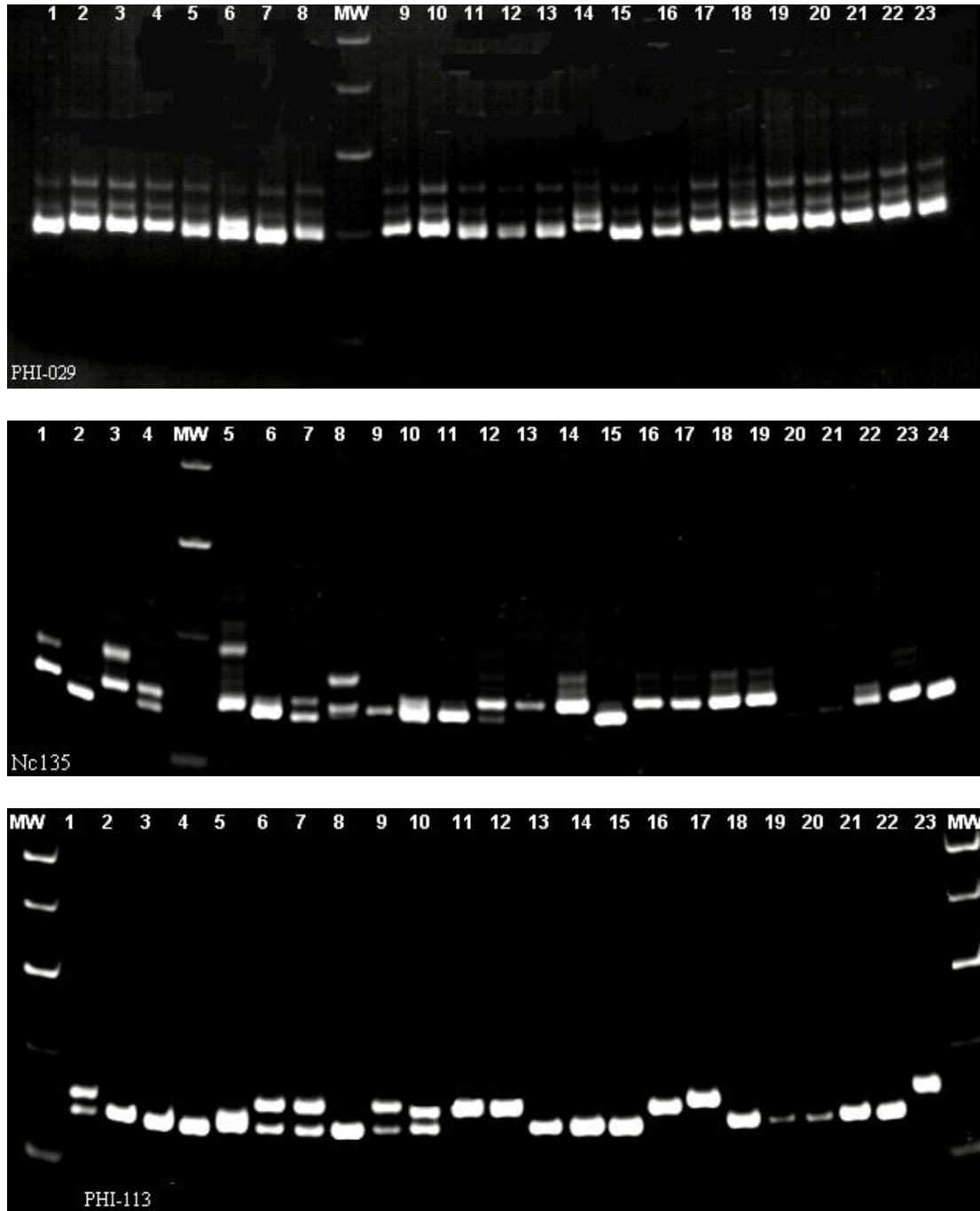
Çizelge 4.16 Yirmi Yerel Mısır Populasyonunda Kullanılan SSR'ların Allel Sayısı, DNA Dizilimi, Bulunduğu Kromozom, Allel Büyüklüğü (bç Olarak) ve PIC (Polymorphism Information Content) Değerleri

Primerler	DNA Dizilimi (5' den 3')	Bulunduğu Kromozom	Bulunan Büyüklük (bç)	Allel Sayısı	PIC Değeri
Umc1403	F-GTACAACGGAGGCATTCTCAAGTT R- TGTACATGGTGGTCTTGTGAGGT	1.03	125-179	5	0.69
Phi127	F- ATATGCATTGCCTGGAAGTGAAGGA R- AATTCAAACACGCCTCCCGAGTGT	2.07	97-130	5	0.74
Phi090	F- CTACCTATCCAAGCGATGGGGA R- CGTGCAAATAATTCCCGTGGGA	2.08	141-159	3	0.73
Phi029	F-TTGTCCTTCTTCTCCACAAGCAGCGAA R- ATTTCCAGTTGCCACCGACGAAGAAGT	3.04	164-168	3	0.79
Nc135	F- CACAAAGAGCAGCCCACTTT R- AAGTTGCTGACATCGATCCA	4.01	117-136	3	0.95
Phi113	F- GCTCCAGGTCCGAGATGTGA R- CACAACACATCCAGTGACCAGAGT	5.02	113-126	2	0.91
Phi128	F- TTGCTCGGTATGAAGAAAATAGTCTTTCC R- ATCTTGCAACTAGACTGAGGCAACCA	5.07	98-130	5	0.74
Umc1178	F- CTGTCGTAAGAGCGCCAACAG R- GTCTGAACGATGAACAGTACACGC	6.02	151-220	5	0.52
Phi034	F- TAGCGACAGGATGGCCTCTTCT R- GGGGAGCACGCCTTCGTTCT	7.02	107-190	4	0.68
Phi015	F- GCAACGTACCGTACCTTCCGA R- ACGCTGCATTCAATTACCGGGAAG	8.08	84-98	4	0.59
Phi065	F- AGGGACAAATACGTGGAGACACAG R- CGATCTGCACAAAGTGGAGTAGTC	9.03	118-148	4	0.83
Phi084	F- AGAAGGAATCCGATCCATCCAAGC R- CACCCGTACTTGAGGAAAACCC	10.04	154-221	5	0.68
Phi035	F- CGTGCAAGCAGTCTCCAG R- CTCCTGATGATGAGCTAGAAAGG	10.06	124-157	5	0.65

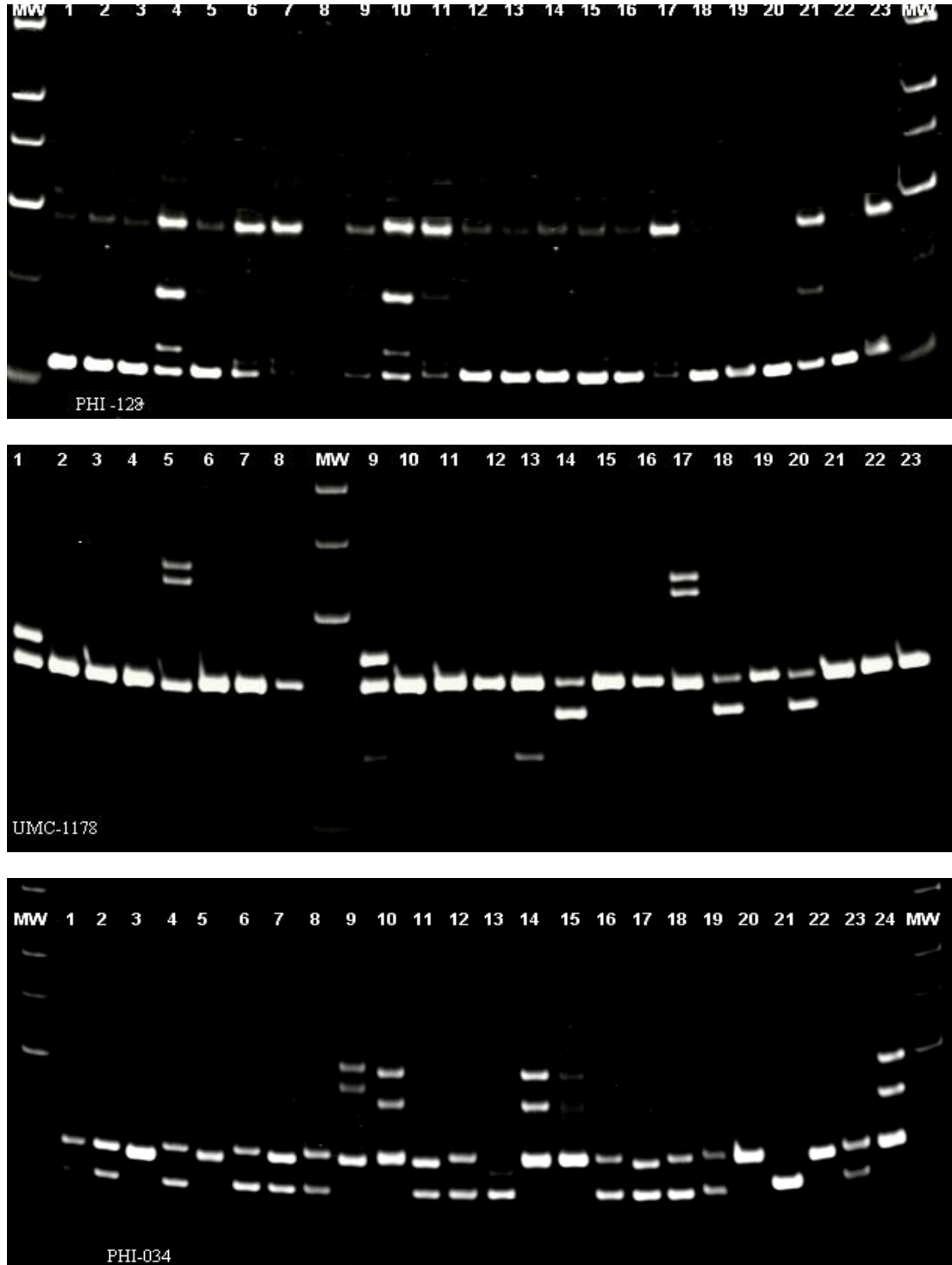
Senior ve ark. (1998) 70 SSR kullandıkları çalışmada, PIC değerinin 0.17 ile 0.92 arasında değişim gösterdiğini ve ortalama PIC değerinin 0.59 olduğunu bildirmişlerdir. Warburton ve ark. (2002) 85 SSR lokusu kullandıkları araştırma sonucunda, PIC değerinin 0.46 ile 0.85 arasında değişim gösterdiğini saptamışlardır. Laborda ve ark. (2005) 50 SSR primeri kullandıkları çalışmada PIC değerinin 0.24 ile 0.90 arasında değişim gösterdiğini ve ortalama PIC değerinin 0.61 olduğunu saptamışlardır.



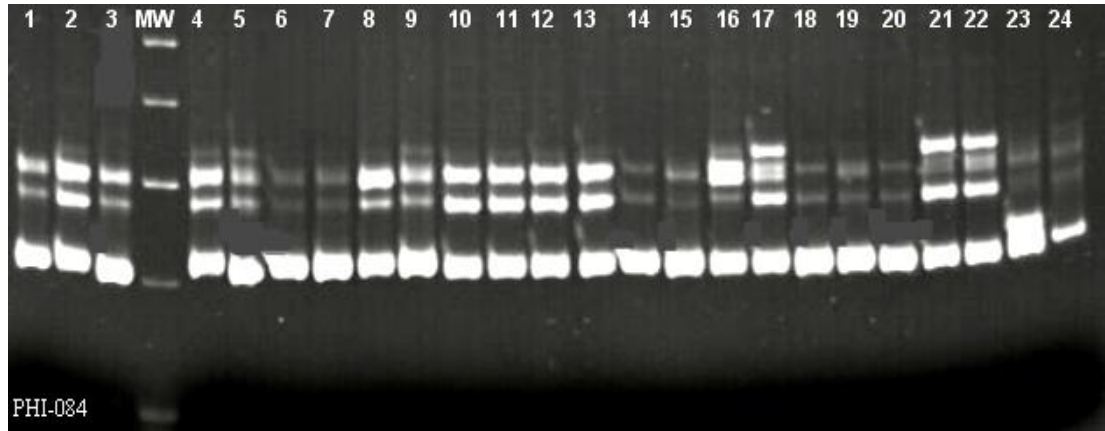
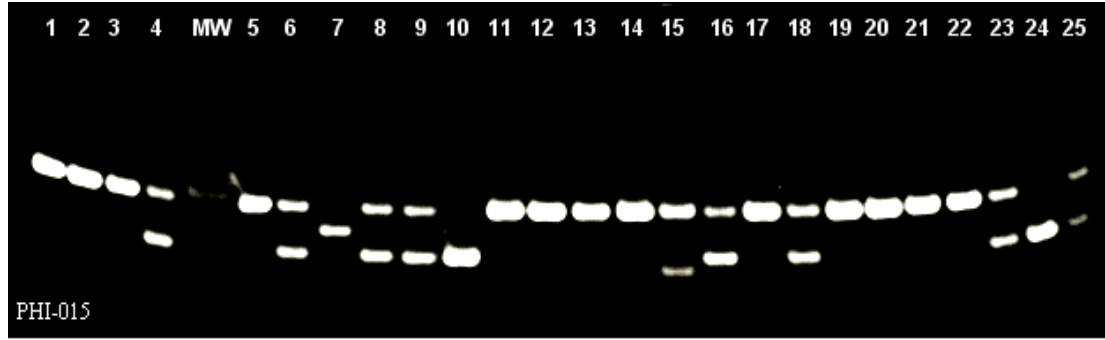
Şekil.4.6. Yerel Mısır Populasyonlarına Ait UMC1403, PHI127 ve PHI090 SSR Primerlerinin Amplifikasyon Ürünleri (1.Adana-1, 2.Adana-2, 3.Adana-3, 4. Adana-4, 5. Adana-5, 6.Ağrı-1, 7.Ağrı-2, 8.Ağrı-3, 9.Ağrı-4, 10.Ağrı-5, 11. Artvin-1, 12.Artvin-2, 13.Artvin-3, 14.Artvin-4, 15.Artvin-5, 16.Aydın-1, 17.Aydın-2, 18.Aydın-3, 19.Aydın-4, 20.Aydın-5, 21.Bolu-1, 22.Bolu-2, 23.Bolu-3, 24.Bolu-4) MW:Moleküler Weight



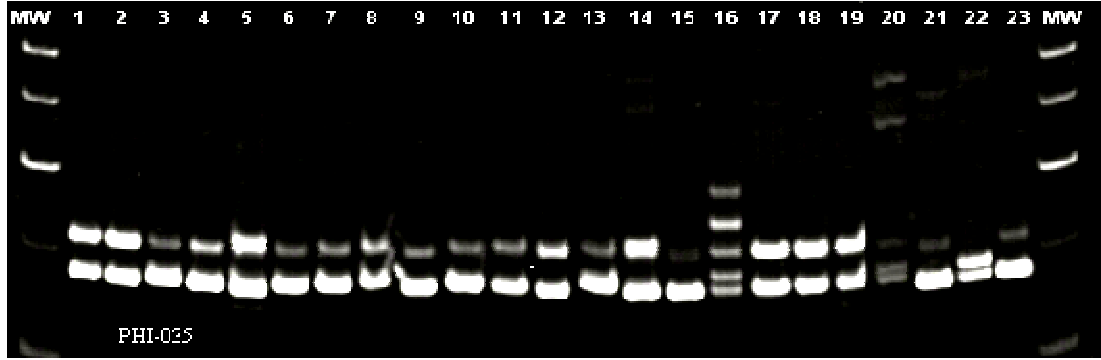
Şekil 4.7. Yerel Mısır Populasyonlarına Ait PHI029, NC135 ve PHI113 SSR Primerlerinin Amplifikasyon Ürünleri (1.Bolu-5, 2.Bursa-1, 3.Bursa-2, 4.Bursa-3, 5.Bursa-4, 6.Bursa-5, 7.Diyarbakır-1, 8.Diyarbakır-2, 9.Diyarbakır-3, 10.Diyarbakır-4, 11.Diyarbakır-5, 12.Erzurum-1, 13.Erzurum-2, 14.Erzurum-3, 15.Erzurum-4, 16.Erzurum-5, 17.Gaziantep-1, 18.Gaziantep-2, 19.Gaziantep-3, 20.Gaziantep-4, 21.İzmir-1, 22.İzmir-2, 23.İzmir-3, 24.İzmir-4) MW:Moleküler Weight



Şekil.4.8.Yerel Mısır Populasyonlarına Ait PHI128, UMC1178 ve PHI034 SSR Primerlerinin Amplifikasyon Ürünleri (1.Kars-1, 2.Kars-2, 3.Kars-3, 4.Kars-4, 5.Kastamonu-1 6.Kastamonu-2 7.Kastamonu-3 8.Kastamonu-4 9.Kastamonu-5 10.Konya-1, 11.Konya-2, 12.Konya-3, 13.Konya-4, 14.Kütahya-1, 15.Kütahya-2, 16.Kütahya-3, 17.Kütahya-4, 18.Kütahya-5 19. Ordu-1, 20. Ordu-2, 21. Ordu-3, 22. Ordu-4, 23. Ordu-5, 24.Sakarya-1,) MW:Moleküler Weight



Şekil.4.9.Yerel Mısır Populasyonlarına Ait PHI015, PHI065 ve PHI084 SSR Primerlerinin Amplifikasyon Ürünleri (1.Sakarya-1, 2.Sakarya-2, 3.Sakarya-3, 4.Sakarya-4, 5.Samsun-1, 6.Samsun-2, 7.Samsun-3, 9.Samsun-4, 10.Samsun-5, 11.Tokat-1, 12.Tokat-2, 13.Tokat-3, 14.Tokat-4, 14.Tokat-5, 15.Trabzon-1, 16.Trabzon-2, 17.Trabzon-3, 18.Trabzon-4, 19.Trabzon-5, 20.Uşak-1, 21.Uşak-2, 22.Uşak-3, 23.Uşak-4, 24.Uşak-5) MW:Moleküler Weight



Şekil.4.10.Yerel Mısır Populasyonlarına Ait PHI035 SSR Primerinin Amplifikasyon Ürünleri (1.Sakarya-1, 2.Sakarya-2, 3.Sakarya-3, 4.Sakarya-4, 5.Samsun-1, 6.Samsun-2, 7.Samsun-3, 9.Samsun-4, 10.Samsun-5, 11.Tokat-1, 12.Tokat-2, 13.Tokat-3, 14.Tokat-4, 14.Tokat-5, 15.Trabzon-1, 16.Trabzon-2, 17.Trabzon-3, 18.Trabzon-4, 19.Trabzon-5, 20.Uşak-1, 21.Uşak-2, 22.Uşak-3, 23.Uşak-4) MW:Moleküler Weight

Genetik çeşitliliği saptamada kullanılan yöntemlerden biriside Nei (1973) tarafından geliştirilen “Gen Çeşitliliği” diye tanımlanan ve *He* olarak gösterilen kriterdir. Her SSR için hesaplanan *He* değerleri Çizelge 4.17’de verilmiştir. *He* değeri, UMC1403 lokusunda 0 ile 0.38 arasında, PHI127 lokusunda 0.06 ile 0.36 arasında, PHI090 lokusunda 0 ile 0.48 arasında, PHI029 lokusunda 0 ile 0.29 arasında, NC135 lokusunda 0 ile 0.50 arasında, PHI113 lokusunda 0 ile 0.44 arasında, PHI128 lokusunda 0 ile 0.34 arasında, UMC1178 lokusunda 0 ile 0.29 arasında, PHI034 lokusunda 0.08 ile 0.50 arasında, PHI015 lokusunda 0 ile 0.32 arasında, PHI065 lokusunda 0.08 ile 0.44 arasında, PHI084 lokusunda 0 ile 0.50 arasında, PHI035 lokusunda ise 0 ile 0.26 arasında değişmiştir.

Yerel populasyonlar kullanılan ortalama *He* değeri bakımından karşılaştırıldığında en yüksek *He* değeri 0,25 ile Uşak populasyonundan, en düşük *He* değerinin ise 0,12 ile Bursa populasyonundan elde edilmiştir Kozhukhova ve Sivolap (2004), 17 tek melez ve 23 saf mısır hattında 10 SSR primeri kullanarak yaptıkları çalışmada *He* (gen çeşitliliği) değerinin 0.40 ile 0.70 arasında değişim gösterdiğini, ortalama *He* değerinin ise 0.53 olduğunu bildirmişlerdir. Le Clerck ve ark., (2005) 123 tek, çift ve üçlü melez mısır çeşidinde ve 10 populasyonda, 51 SSR markörü kullanarak yaptıkları araştırma sonucunda, *He* değerinin 0.56 ile 0.61 arasında değişim gösterdiğini, ortalama *He* değerinin ise 0.59 olduğunu saptamışlardır. Rebourg ve ark (2001) ise mısırdaki RFLP tekniğini kullandıkları çalışmada *He* değerinin 0.10 ile 0.79 arasında değişim gösterdiğini rapor etmişlerdir.

Çizelge 4.17. Yerel Mısır Populasyonuna Ait Her SSR Lokusu İçin Nei (1973)'e Göre Hesaplanan Gen Çeşitliliği (*He*) ve Her Populasyona Ait Ortalama *He* Değerleri

Populasyonlar	Umc1403	Phi127	Phi090	Phi029	Nci35	Phi113	Phi128	Umc1178	Phi034	Phi015	Phi065	Phi084	Phi035	GENEL
ADANA	0.26	0.28	0.00	0.00	0.32	0.24	0.00	0.10	0.19	0.32	0.16	0.32	0.26	0.16
AĞRI	0.10	0.06	0.27	0.00	0.25	0.40	0.00	0.29	0.08	0.32	0.32	0.25	0.10	0.17
ARTVİN	0.06	0.13	0.29	0.00	0.30	0.16	0.05	0.15	0.50	0.16	0.32	0.30	0.10	0.19
AYDIN	0.06	0.33	0.11	0.00	0.25	0.00	0.00	0.00	0.44	0.24	0.32	0.25	0.13	0.16
BOLU	0.22	0.38	0.32	0.11	0.42	0.40	0.22	0.10	0.16	0.32	0.32	0.43	0.19	0.24
BURSA	0.15	0.35	0.13	0.29	0.32	0.44	0.10	0.16	0.28	0.16	0.08	0.32	0.10	0.12
DIYARBAKIR	0.26	0.35	0.00	0.21	0.32	0.16	0.14	0.06	0.32	0.16	0.28	0.32	0.26	0.20
ERZURUM	0.13	0.26	0.21	0.16	0.37	0.24	0.16	0.00	0.32	0.24	0.44	0.37	0.22	0.20
GAZİANTEP	0.38	0.26	0.48	0.11	0.26	0.16	0.13	0.13	0.44	0.20	0.24	0.27	0.16	0.22
İZMİR	0.00	0.18	0.00	0.00	0.50	0.44	0.00	0.15	0.34	0.09	0.19	0.50	0.20	0.15
KARS	0.00	0.25	0.33	0.17	0.17	0.44	0.00	0.00	0.34	0.19	0.44	0.17	0.08	0.17
KASTAMONU	0.29	0.36	0.00	0.16	0.27	0.24	0.00	0.00	0.28	0.20	0.44	0.27	0.16	0.20
KONYA	0.23	0.30	0.25	0.13	0.00	0.38	0.10	0.00	0.09	0.22	0.29	0.00	0.00	0.14
KÜTAHYA	0.23	0.09	0.25	0.13	0.25	0.00	0.25	0.15	0.31	0.00	0.34	0.25	0.18	0.17
ORDU	0.13	0.13	0.00	0.00	0.11	0.40	0.32	0.13	0.28	0.16	0.36	0.11	0.10	0.18
SAKARYA	0.10	0.26	0.21	0.00	0.48	0.16	0.34	0.00	0.24	0.24	0.36	0.48	0.10	0.19
SAMSUN	0.06	0.35	0.32	0.27	0.11	0.00	0.00	0.13	0.36	0.32	0.16	0.11	0.06	0.18
TOKAT	0.19	0.29	0.00	0.11	0.21	0.40	0.09	0.13	0.24	0.20	0.32	0.21	0.06	0.18
TRABZON	0.32	0.23	0.00	0.13	0.13	0.44	0.15	0.23	0.44	0.20	0.19	0.13	0.16	0.21
UŞAK	0.35	0.35	0.21	0.27	0.42	0.32	0.21	0.13	0.44	0.24	0.24	0.43	0.16	0.25

Çizelge. 4.18. 20 Populasyon Arasındaki Genetik Benzerlik Katsayıları

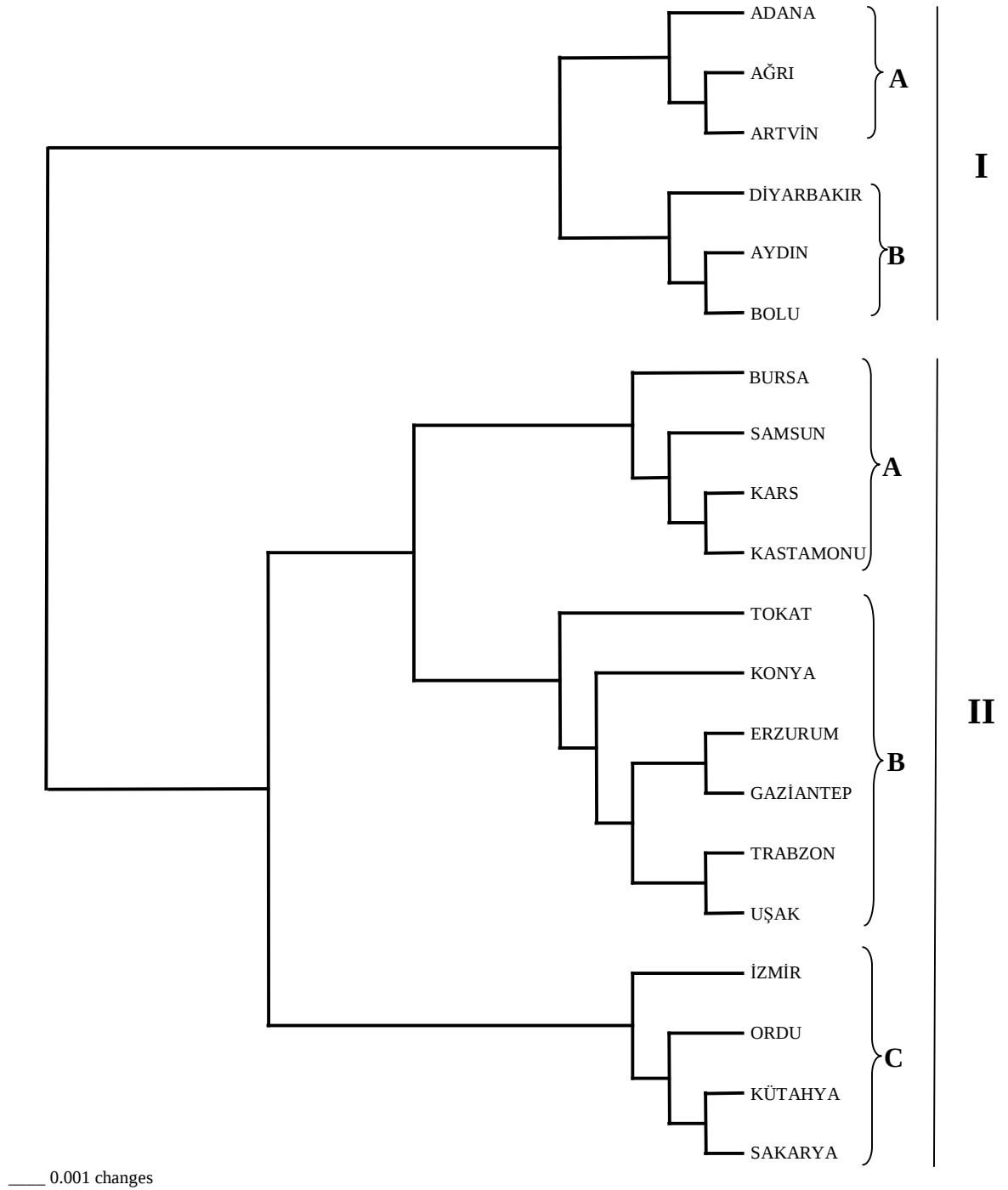
POPULASYON	ADANA	AĞRI	ARTVİN	AYDIN	BOLU	BURSA	DIYARBAKIR	ERZURUM	GAZİANTEP	İZMİR	KARS	KASTAMONU	KONYA	KÜTAHYA	ORDU	SAKARYA	SAMSUN	TOKAT	TRABZON	UŞAK
ADANA	***	0.84	0.86	0.81	0.83	0.79	0.90	0.81	0.83	0.89	0.88	0.88	0.83	0.79	0.85	0.82	0.81	0.86	0.83	0.81
AĞRI		***	0.89	0.82	0.82	0.82	0.80	0.86	0.87	0.88	0.87	0.85	0.85	0.86	0.86	0.83	0.85	0.82	0.85	0.83
ARTVİN			***	0.89	0.85	0.87	0.90	0.90	0.92	0.91	0.90	0.88	0.86	0.91	0.89	0.88	0.89	0.88	0.92	0.88
AYDIN				***	0.89	0.86	0.90	0.90	0.91	0.87	0.88	0.88	0.83	0.87	0.88	0.90	0.88	0.84	0.90	0.90
BOLU					***	0.84	0.85	0.91	0.88	0.84	0.86	0.86	0.87	0.88	0.86	0.90	0.83	0.87	0.84	0.89
BURSA						***	0.83	0.88	0.88	0.84	0.87	0.87	0.83	0.85	0.88	0.84	0.89	0.88	0.91	0.89
DIYARBAKIR							***	0.87	0.89	0.88	0.91	0.93	0.84	0.84	0.86	0.87	0.87	0.86	0.89	0.87
ERZURUM								***	0.95	0.87	0.91	0.90	0.93	0.91	0.86	0.90	0.90	0.88	0.90	0.92
GAZİANTEP									***	0.89	0.91	0.90	0.92	0.92	0.91	0.91	0.91	0.88	0.94	0.94
İZMİR										***	0.89	0.89	0.84	0.87	0.89	0.89	0.86	0.88	0.90	0.87
KARS											***	0.94	0.90	0.90	0.89	0.88	0.93	0.86	0.88	0.85
KASTAMONU												***	0.87	0.86	0.86	0.89	0.93	0.88	0.90	0.88
KONYA													***	0.85	0.83	0.86	0.88	0.86	0.89	0.88
KÜTAHYA														***	0.89	0.92	0.91	0.84	0.86	0.88
ORDU															***	0.92	0.87	0.88	0.91	0.88
SAKARYA																***	0.88	0.87	0.87	0.90
SAMSUN																	***	0.86	0.91	0.88
TOKAT																		***	0.91	0.90
TRABZON																			***	0.95
UŞAK																				***

20 yerel mısır populasyonunda yapılan var (1) ve yok (0) SSR skorlama işleminden sonra elde edilen veriler Nei (1973) bildirdiđi metoda göre analiz edilmiř ve elde edilen populasyonlar arası genetik benzerlik deđerleri Çizelge 4.18’de verilmiřtir. Çizelge 4.18’den de görülebileceđi üzere en yakın genetik benzerlik 0.95 deđerı ile Uřak ve Trabzon populasyonları arasında, en uzak benzerlik ise 0.79 deđerı ile Adana ile Bursa ve Adana ile Kütahya populasyonları arasında bulunmuřtur. ABD orjinli mısır koleksiyonunda yapılan bir çalıřmada genetik benzerlik oranı 0.44 ile 0.80 arasında bulunduđu rapor edilmiřtir (Carvalho ve ark., 2004). Arařtırmamızda her ne kadar açık döllen mısır yerel populasyonları kullanılsa da yerel populasyonlar birbirlerine yakın bulunmuřtur.

UPMGA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Mean) yöntemine göre yapılan dendogram Şekil. 4.11’de verilmiřtir. Dendogramın incelenmesinden de anlařılacađı üzere incelenen yerel mısır populasyonları esas olarak I ve II olmak üzere iki ana grup oluřturmuřtur. Oluřan I grubu dikkatle incelediđimizde bu grupta 6 populasyon yer almıř ve bunlarda kendi içinde iki ana gruba ayrılmıřtır. IA grubu içinde Adana, Ađrı ve Artvin populasyonları bulunurken IB grubu içerisinde Diyarbakır, Aydın ve Bolu populasyonları yer almıřtır. II. ana grup kendi içinde 3 farklı gruba ayrılmıřtır. IIA grubu içerisinde Bursa, Samsun, Kars ve Kastamonu; IIB grubu içerisinde Tokat, Konya, Erzurum, Gaziantep, Trabzon ve Uřak ve IIC grubu içerisinde ise İzmir, Ordu, Kütahya ve Sakarya populasyonları yer almıřtır. Gruplamalardan da anlařıldıđı gibi en önemli sonuçlardan birisi yerel populasyonların toplanmıř olduđu cođrafya ile populasyonlar arasında bir iliřki olmamasıdır. Örneđin Ađrı’dan toplanmıř olan populasyonla Bolu’dan veya Adana’dan toplanmıř olan populasyon aynı grup içerisinde bulunmaktadır. Şekil 4.9’dan de anlařılabileceđi gibi zaman içinde bölgeler arası tohum alıř-veriřinin bulunduđu düşünölmektedir. Nitekim, bölgeler arası tohum alıř-veriřinin bulunduđunu Pressoir ve Berthaud, (2004) yerel Meksika mısır populasyonlarını kullanarak yapmıř olduđu çalıřmada göstermiřtir.

Yerel populasyonların dendogram içindeki dađılımı morfolojik özellikleri ile bađlantılı bulunmamıřtır. Diđer bir ifade ile erkenci populasyonlar ile geççi

populasyonlar veya kısa boylu populasyonlar ile uzun boylu populasyonlar farklı gruplar oluşturmamıştır. Warburton ve ark., (2005) CIMMYT'ten alınan 218 elit mısır saf hattında 32 RFLP markörünü kullanarak yapmış oldukları çalışmada, yaptıkları kümeleme analizi sonucunda hatların, çevresel adaptasyona, fenotipe, dane rengine, dane tipine, olgunlaşma süresine göre gruplara ayrılmadıklarını bildirmişlerdir. Yukarıda sözü edilen çalışmada farklı bir moleküler markör kullanılmasına karşın elde ettikleri sonuçlar bulgularımızla uyum içerisindedir. SSR ile Etiyopya ve Meksika populasyonlarında yapılan araştırmalarda da aynı sonuca varılmasına rağmen özellikle farklı moleküler markörlerle yapılan çalışmalarda populasyonların dane tipine veya çiçeklenme süresine göre ayrılabilceğı bildirilmiştir (Parentoni ve ark., 2001; Yu ve Pauls, 1993; Kongkiatnhgen ve ark., 1996; Carvalho ve ark., 2004).



Şekil. 4.11. UPGMA Analizine Göre Oluşturulmuş Dendogram

5. SONUÇ ve ÖNERİLER

Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanmış 20 yerel mısır populasyonunda hem populasyon içi hem de populasyonlar arası genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla morfolojik ve moleküler karakterizasyon yapılmıştır. Morfolojik incelemeler ile moleküler incelemelerden elde edilen sonuçlar aşağıda özetlenmiştir.

Populasyon içi genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla 13 morfolojik özellik incelenmiştir. İnceleme sonucunda populasyonların bitki boyu, koçan yüksekliği, sap kalınlığı, yaprak açısı, yaprak sayısı, tek yaprak alanı, koçan uzunluğu, koçanda tane sayısı, koçanda tane ağırlığı ve bitki verimi bakımından populasyon içi yüksek varyasyon gösterdiği bulunurken, koçan kalınlığı ve tepe püskülü çıkış süresinin düşük bir varyasyona sahip olduğu bulunmuştur.

Türkiye orijinli yerel mısır populasyonları incelenen morfolojik özellikler bakımından populasyonlar arası yüksek bir varyasyon göstermiştir. 20 yerel mısır populasyonunda tepe püskülü çıkarma 50 ile 74 gün arasında değişim gösterdiği ve ortalamanın 63.3 gün olduğu saptanmıştır.

Bitki boyunun 87 ile 305 cm arasında değişim gösterdiği ve ortalamanın 171.8 olduğu tespit edilmiştir. Populasyonlar bitki boyu bakımından yüksek varyasyon (% 22.6) göstermiştir.

Çalışılan populasyonlar arasında Koçan yüksekliğinin yüksek varyasyon gösterdiği bulunmuştur. Koçan yüksekliğinin 21 cm ile 190 cm arasında değişim gösterdiği ve ortalamanın 83.7 cm olduğu saptanmıştır.

Sap kalınlığı yönünden incelenen populasyonların populasyon arası düşük (% 9.7) varyasyon gösterdiği tespit edilmiştir. Sap kalınlığının 10 ile 30 mm arasında değişim gösterdiği ve ortalamanın 18.8 mm olduğu saptanmıştır.

Çalışılan 20 populasyonda, yaprak sayısı populasyonlar arası (%15.6) yüksek varyasyon göstermiştir. Yaprak sayısı değişim aralığı 6 ile 15 arasında bulunurken, ortalaması 10.8 olarak bulunmuştur.

Çalışılan 20 populasyonun yaprak alanı 58 cm² ile 677 cm² gibi oldukça geniş bir aralığa sahip olduğu bulunmuş ve ortalamasının 366.8 olduğu tespit edilmiştir. 20

yerel populasyonun yaprak alanının populasyonlar arası yüksek varyasyon gösterdiği tespit edilmiştir.

İncelenen 20 populasyonun koçan uzunluğunun 8.5 ile 26 cm arasında değişim gösterdiği ve ortalamanın 16.77 cm olduğu, varyasyon katsayısının % 10.9 olduğu tespit edilmiştir.

20 yerel populasyonun koçan kalınlığının 23 mm ile 50 mm arasında değişim gösterdiği ve ortalamanın 36.7 mm olduğu bulunmuştur. İncelenen 20 populasyonda koçan kalınlığının populasyonlar arası düşük varyasyon (%7.5) gösterdiği saptanmıştır.

Koçanda tane sayısı, 60 ile 780 arasında değişim gösterdiği ve ortalamanın 365.1 olduğu bulunmuştur. İncelenen 20 populasyonda koçan tane sayısının populasyonlar arası yüksek varyasyon (%22.6) gösterdiği bulunmuştur.

Koçanda tane ağırlığının 14 ile 246 g arasında değişim gösterdiği ve ortalamanın 101.8 olduğu bulunmuştur. İncelenen 20 populasyonda koçan tane ağırlığının populasyonlar arası oldukça yüksek varyasyon (%30.4) gösterdiği tespit edilmiştir.

Bitkide tane verimi 14 g ile 272 g arasında oldukça geniş bir değişim aralığı göstermiş ve ortalama tek bitki veriminin 116.25 g olduğu bulunmuştur. Bitkide tane veriminin populasyonlar arası varyasyon katsayısı % 27.14 ile oldukça yüksek bir varyasyona sahip olduğu saptanmıştır

Tane oranının 13 ile 92.3 arasında değişim gösterdiği ve ortalamanın 81.0 olduğu bulunmuştur. İncelenen 20 populasyonda tane oranının populasyonlar arası oldukça düşük varyasyon (%3.5) gösterdiği tespit edilmiştir.

Araştırmada incelenen 20 populasyonda özellikler arası korelasyon yapılmış ve özellikler arasında (tane oranı ve yaprak açısı hariç) olumlu ve önemli ilişkiler tespit edilmiştir.

Moleküler analizlerde ise 20 yerel populasyonu temsilen her populasyondan 3-5 bitki analiz edilmiştir. Kullanılan 13 SSR primeri 20 yerel mısır populasyonu içinde 53 allel üretmiş olup ortalama SSR lokusu başına 4.07 allel saptanmıştır. En az allelin 2 ile PHI113 lokusundan, en fazla allelin ise 5 ile UMC1403, PHI127, PHI128, UMC1178, PHI084 ve PHI035 lokuslarından saptanmıştır. Kullanılan SSR'larda

yaklaşık allel uzunluğu (bç) 84 bç ile 221 bç arasında değişmiş olup allel büyüklüğü bakımından en uzun 221 bç ile PHI084 lokusundan en kısa ise 84 bç uzunluğu ile PHI015 lokusundan elde edilmiştir. Ortalama PIC değeri 0.735 olup en düşük 0,525 ile Umc1178 lokusundan, en yüksek ise 0.958 ile Nc135 lokusundan elde edilmiştir.

Yerel populasyonlar kullanılan ortalama *He* değeri bakımından en yüksek *He* değeri 0,25 ile Uşak populasyonundan, en düşük *He* değerinin ise 0,12 ile Bursa populasyonundan elde edilmiştir.

20 yerel mısır populasyonunda yapılan var (1) ve yok (0) SSR skorlama işleminden sonra elde edilen veriler Nei (1973) bildirdiği metoda göre populasyonlar arası genetik benzerlik ve uzaklık değerleri bulunmuştur. En yakın genetik benzerlik 0,95 değeri ile Uşak ve Trabzon populasyonları arasında, en uzak benzerlik ise 0,79 değeri ile Adana ile Bursa ve Adana ile Kütahya populasyonları arasında bulunmuştur.

UPMGA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) yöntemine göre yapılan analizde açık tozlanan yerel mısır populasyonları iki ana gruba ayrılmıştır. Yapılan araştırma sonucunda belli bir bölgeye özel olarak adapte olmuş bir populasyonun bulunamamıştır. Üzerinde çalışılan yerel populasyon sayısının artırılmasıyla özel bir bölgeye adapte olmuş yerel populasyonların bulunabileceği düşünülmektedir.

Yerel populasyonların dendogram içindeki dağılımı morfolojik özellikleri ile bağlantılı bulunmamıştır. Diğer bir ifade ile erkenci populasyonlar ile geççi populasyonlar veya kısa boylu populasyonlar ile uzun boylu populasyonlar farklı gruplar oluşturmamıştır.

Dünyada bulunan mısır gen bankası koleksiyonunun ancak % 2'lik bir kısmı mısır ıslahında kullanılmakta olup (Machado ve ark., 1998) halen %98'lik bir kısmın yerel populasyonlar içinde bulunduğu ve bunların değerlendirmeyi beklediği düşünülmektedir. FAO'nun 1996 yılında yapmış olduğu bir survey çalışmasında 1930'lu yıllardan itibaren Meksika'da yerel mısır populasyonlarının % 20'sinin kaybolduğu bildirilmiştir. Buna ilave olarak 20.yy başlarında ABD'de kullanılan mısır çeşitlerinin bugün itibarıyla % 91'inin kaybolduğu rapor edilmiştir (Valdemar ve ark., 2004).

Özellikle Türkiye’de köy populasyonları dar alanlarda ve herhangi bir ticari kaygı düşünülmeden Türkiye’nin farklı ekolojisinde yetiştirilmekte ve küçük ailelerin kendi ihtiyaçlarını karşılamaktadır. Bundan dolayı bu tip yerel populasyonlarının bazı özellikler bakımından genetik yapısının iyileştirilmesi ve çiftçiye alternatif populasyonların verilmesi hem var olan yerel populasyonlardaki genetik çeşitliliğin devamını sağlayabilecek hem de çiftçinin yararlanabileceği bir populasyon tarımı yaptırılmış olacaktır.

Özellikle bu proje sayesinde 20 yerel populasyon içersinden seçmiş olduğumuz bitkilerde kendileme yapılmış ve S2 kademesine gelinmiştir. İlerleyen yıllarda kendileme çalışmalarına devam edilecek ve S6-S7 kademesinde melezleme çalışmalarına başlanacaktır.

Mısır ıslahçılarının, genetikçilerinin ve evrimcilerinin en önemli konularından birisi, mısırdaki var olan bu morfolojik varyasyonun nasıl değerlendirilebileceğidir. Bu materyallerin mısır ıslahında değerlendirme çalışmaları son yıllarda üzerinde en çok tartışılan konulardan birisidir. Özellikle günümüzde yoğun ileri tarım tekniklerinin uygulanmasıyla birlikte yeni çeşitlerin geliştirilmesi, biyoteknolojinin devreye girmesiyle birlikte transgenik mısır çeşitlerinin elde edilmesi ve çiftçilerin ticari melez mısır tarımı yapmaya başlamaları Türkiye’de köy populasyonlarının erozyona tabi kalmasına neden olmaktadır.

Bundan dolayı, Türkiye’de yerel mısır populasyonlarının daha büyük projelerle geniş şekilde araştırılması ve tanımlanması gerekmektedir. Bu projelerden elde edilen veriler ışığında yerel mısır populasyonlarının hızla ıslah programlarına alınıp değerlendirilmesi yararımıza olacaktır.

KAYNAKLAR

- AJMONE-MARSAN, P., CASTIGLIONI, P., FUSARI, F., KUIPER, M. AND MOTTO, M. 1998. Genetic diversity and its relationship to hybrid performance in maize as revealed by RFLP and AFLP markers. Theor. Appl. Genet. 96:219-227.
- AKKAYA M.S., BHAGWAT A.A., CREGAN P.B, 1992 Length polymorphism of simple sequence repeat DNA in soyabean. Genetics, 13, 1131-1139.
- ALVAREZ A., and RUIZ DE LA GALARRETA, J.I., 1995. Variedades Locales de Maiz de Gipuzkoa evaluacion clasificacion. Edita: Diputacion Floral de Gipuzkoa.
- ANONİM, 2005. Çukurova Üniversitesi Meteoroloji Kayıtları. <http://www.cu.edu.tr>
- ANONYMOUS 2008a. The National Science Foundation, USA www.nsf.gov/news
- ANONYMOUS 2008b. <http://zr.molbiol.ru/poales.html>
- ASCHERSON, P., 1875. Die geographische Verbreitung der Seegrass. In: von Numayer, G. (Ed.), first ed. Anl. Wiss. Boeb., Reisen, pp. 359–373.
- AZAR C., MATHER D. And HAMILTON R., 1997. Maize Land Races of St. Lawrence- Great Lakes region of North America, Euphytica, 98,141-148,
- BECKMAN, J. S., and M. SOLLER. 1990. Toward a unified approach to genetic mapping of eukaryotes based on sequence tagged microsatellite sites. Biotechnology 8:930-932.
- BEYENE Y., 2005. Genetic Analysis of Traditional Ethiopian highland maize (*Zea mays* L.) Using Molecular Markers Morphological Traits: Implication For Breeding and Conservation. Philosophiae of Doctorate thesis. Forestry and Agricultural Biotechnology Institute (FABI), Department of Genetics, University of Pretoria.
- BEYENE Y., BOTHA A.M. and MYBURG A.A. 2005. A comparative study of molecular and morphological methods of describing genetic relationships in

- traditional Ethiopian highland maize, *African Journal of Biotechnology* 4(7), 586-595,
- BEYENE, Y., BOTH A. M and MYBURG A. A. 2006. Genetic diversity among traditional Ethiopian highland maize accessions assessed by simple sequence repeat (SSR) markers *Genetic Resources and Crop Evolution* (2006) 53:1579–1588 Springer
- BONCIARELLI F., 1961. Studio agronomico comparato delle popolazioni Umbre di mais (A comparative study of the maize population of Umbria, Italy, with English summary). *Maydica*, 6, 35-61,
- BOSCH L., CASANAS F., SANCHEZ E. and NUEZ F., 1997. Variability of maize landraces from Northwest Spain. *Plant Genetic Resources Newslet*, 112, 90–92.
- BROWN W. L. and GOODMAN, M. M., 1977. Races of corn, In *corn and corn improvement*. Sprague, G.F. Ed., Amer., Soc. Agron., Inc., Madison, WI, , 49
- CAMUSSI A., 1979. Numerical Taxonomy of Italian Population of Maize Based on Quantitative Traits, *Maydica*, 24, 161-174.
- CAMUSSI A., JELLUM M.D. and OTTAVIANO E., 1980 Numerical Taxonomy of Italian Maize Population: Fatty acid composition and Morphological Traits, *Maydica*, 25, 149-165.
- CARVALHO V. P., RUAS C. F., FERREIRA, J.M. MOREIRA R.M.P. and P. M. RUAS. 2004. Genetic diversity among maize (*Zea mays* L.) landraces assessed by RAPD markers. *Genetics and Molecular Biology*, 27, 2, 228-236.
- CHIN E.C., SENIOR M.L., SHU H. and SMITH J.S., 1996. Maize simple repetitive DNA sequences: abundance and allele variation, *Genome*, Oct, 39(5), 866-73,
- CIMMYT, 2000. International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT).

CGIAR Research areas of research: Maize (*Zea mays* L.)

- CMMYT/IBPGRI., 1991. Descriptors for Maize, Rome
- COE, E., HANCOCK, D., KOWALESKI, S. and POLACCO, M. 1995. Gene list and working maps. *Maize Genet. Coop. Newslett.* 69: 191-267.
- CONDIT R. and HUBBELL S.P., 1991. Abundance and DNA sequence of two-base repeat regions in tropical tree genomes, *Genome*, 34, 66–71,
- CREGAN P.B., JARVIK T., BUSH A.L., SHOEMAKER R.C., LARK K.G., KAHLER A.L., KAYA, N., VANTOAI T.T., LOHNES D.G., CHUNG J. and SPECHT J.E., 1999. An Integrated Genetic Linkage Map of the Soybean Genome, *Crop Science*, 39, 1464-1490.
- DARRAH, L.L. and ZUBER, M.S., 1986. United States Farm maize Germplasm Base and Commercial Breeding, *Crop Sci*, 26, 1109-1113,
- DOEBLEY, J.F. and ILTIS, H.H. 1980. Taxonomy of *Zea* (Gramineae): I. A subgeneric classification with a key to taxa. *Am. J. Bot.* 67: 982-993.
- DOEBLEY, J.F., GOODMAN, M.M. and STUBER C.W. 1984. Isoenzymatic variation in *Zea* (Gramineae). *Systematic Bot.* 9: 203-218.
- DOEBLEY, J. A STEC, J WENDEL, M EDWARDS. 1990. Genetic and morphological analysis of a maize-teosinte F2 population: implications for the origin of Maize. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, Vol. 87, No. 24 (Dec., 1990), pp. 9888-9892
- DOEBLEY J.F. and STEC A., 1991. Genetic Analysis of morphological differences between Maize and Teosinte, *Genetics*, 129, 285-295.
- DUBREUIL, P., DUFOUR, P., KREJCI, E., CAUSSE, M., DE VIENNE, D., GALLAIS, A. and CHARCOSSET, A. 1996. Organization of RFLP diversity among inbred lines of maize representing the most significant heterotic groups. *Crop Sci.*, 36: 790-799.
- DUDLEY, J. W. 1993. Molecular Markers in Plant Improvement: Manipulation of Genes Affecting Quantitative Traits *Crop Sci* 33:660-668.

- DÜZGÜNEŞ O , T KESİCİ, F GÜRBÜZ. 1983. İstatistik Metodları - Ankara
Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları,
- EARLE, F. R., CURTIS, J.J, HUBBARD, J. E., 1946. Composition of the
component parts of the kernel . Cereal Chem. 23, 504
- EGE, H., KARAHOCAGİL, P., 2001. Yemlik Tahıllar Arpa, Mısır Durum ve
Tahmin 2001/02, TEAE Yayın No:82, Ankara.
- ENOKI, H., MIKI K. and KOINUMA K., 2005. Selection of SSR Sets in
Assignment to Dent and Flint Groups of Maize Inbred Lines Derived from
European Hybrids. Breeding Science Breeding Science 55 : 135–140
- ESQUINAZ- ALCAZAR J.T., 1993. Plant Genetic Resources, Plant Breeding:
Principles and prospects. Edited by M.D. Hayward, N.O. Bosemark and I.
Romagosa. Published in 1993 by Chapman & Hall, London. ISBN 0 412
43390 7.
- EUBANKS, M. 1995. A Cross Between Two Maize Relatives: *Tripsacum*
dactyloides and *Zea diploperennis* (Poaceae). Econ Bot 49 :172-182
- EUBANKS, MW. 2001. The Mysterious Origin Of Maize. Economic Botany 55:
492- 514.
- EVANS, L.T. and EVANS, T.L.T. 1993. Crop evolution, adaptation, and yield.
Cambridge University Press; New York.
- EYRE-WALKER, A., GAUT, R.L., HILTON, H. and GAUT, B.S. 1998. Investigation
of the bottleneck leading to the domestication of maize. Proc. Natl. Acad. Sci.
USA 95: 4441-4446.
- FAO, 1992. Maize in human nutrition; report series 25, FAO (Food and Agricultural
Organization), Rome.
- FAO, 2006. <http://www.fao.org>
- GARCIA A.A.F, BENCHIMOL L.L., BARBOSA A.A.M., GERALDI I.O., SOUZA
Jr. C.L., de SOUZA A.P., 2004. Comparison of RAPD, RFLP, AFLP and

- SSR markers for diversity studies in tropical maize inbred lines, *Genet. Mol. Biol.*, 27, 579-588.
- GARDINER, J.M., COE, E.H., MELIA-HANCOCK, S., HOISINGTON, D.A. and CHAO, S. 1993. Development of a core RFLP map in maize using an immortalized F₂ population. *Genetics* 134: 917-930.
- GAUTHIER, P., GOUESNARD, B., DALLARD, J., REDAELLI, R., REBOURG, C., CHARCOSSET, A. and BOYAT, A. 2002. RFLP diversity and relationships among traditional European maize populations. *Theor. Appl. Genet.* 105: 91-99.
- GETHI J.G., LABATE J.A., LAMKEY K.R., SMITH M.E. and KRESOVICH S., 2002. SSR Variation in Important U.S. Maize Inbred Lines, *Crop Science*, 42, 951-957,).
- GOODMAN M.M. and STUBER C.W., 1983. Races of maize. VI. Isozyme variation among races of maize in Bolivia, *Maydica*, 28, 169–187.
- GOODMAN M.M., 1990 Genetic and germplasm stocks worth conserving, *J. Hered.*, 81(1), 11-6.
- GRENIER C., DEU M., KRESOVICH J., BRAMEL-COX P.J. and HAMON P., (2000). Assesment of Genetic Diversity in Three subsets Constituted from ICRISAT Sorghum Colection Using Random vs Non-Random Sampling Procedures, *Theor Appl Genet.*, 101, 197-202.
- HALLAUER, A.R. and MIRANDA, J.B. 1988. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State Univ. Press, Ames, Iowa.
- HELENTJARIS, T., KING, G., SLOCUM, M., SIEDENSTRANG, C. and WEGMAN, S. 1985. Restriction fragment polymorphisms as probes for plant diversity and their development as tools for applied plant breeding. *Plant Mol. Biol.* 5: 109-118.
- HELENTJARIS, T., SLOCUM, M., WRIGHT, S., SCHAEFER, A. and NIENHUIS, J. 1986. Construction of genetic linkage maps in maize and tomato using restriction fragment length polymorphisms. *Theor. Appl. Genet.* 72: 761-769.

- HONGTRAKUL V., HUESTIS G.M. and KNAPP S.J., 1997 Amplified fragment length polymorphisms as a tool for DNA fingerprinting sunflower germplasm, genetic diversity among oilseed inbred lines, Theor. Appl. Genet., 95, 400-407.
- ILARSLAN, R., KAYA, Z. KANDEMİR İ. and BRETTING, P.K. 2002. Genetic variability among Turkish pop, flint and dent corn (*Zea mays* L. spp. *mays*) races: Morphological and agronomic traits. Euphytica 128: 173–182,
- ILTIS H. H., DOEBLEY J.F., GUZMÁN R.M., and PAZY B. 1979. *Zea diploperennis* Gramineae) : A New Teosinte from Mexico *Science* Vol. 203. no. 4376, pp. 186 – 188
- JONES, N., OUGHAM, H. and THOMAS, H. 1997. Markers and mapping: we are all geneticists now. New Phytologist 137: 165-177.
- KIRTOK Y., 1998. Mısır Üretimi ve Kullanımı. Kocaoluk Basım ve Yayınevi,
- KONGKIATNGAM P., WATERWAY M.J., COULMAN B.E. and FORTIN M.G., 1996. Genetic variation among cultivars of red clover (*Trifolium pretense* L.) detected by RAPD markers amplified from bulk genomic DNA, Euphytica, 89, 355-361,
- KOZHUKHOVA N. E. and SIVOLAP YU. M. 2004. Identification and Registration of Maize Genotypes with the Use of Molecular Markers Russian Journal of Genetics, Vol. 40, No. 1, 2004, pp. 49–55. Translated from Genetika, Vol. 40, No. 1, , pp. 59–66.
- KRESOVICH S., SZEWC-MCFADDEN A.K., BLIEK S.M., MCFERSON J.R., 1995. Abundance and Characterization of simple-sequence repeats (SSRs) isolated from a size-fractionated genomic library of *Brassica napus* L. (rapeseed), Theor. Appl. Genet., 91, 206–211.
- KUMAR, L.S. 1999. DNA markers in plant improvement: An overview. Biotechnology advances 17: 143-182.

- LABORDA, P.R.; OLIVEIRA, K.M.; GARCIA, A.A.F.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; SOUZA, A.P. 2005. Tropical maize germplasm: what can we say about its genetic diversity in the light of molecular markers? *Theoretical and Applied Genetics*, v.111, p.1288-1299.
- LANZA, L.L.B., C.L. de SOUZA JR., L.M.M. OTTOBONI, M.L.C. VIEIRA and A.P. de SOUZA, 1997. Genetic distance of inbred lines and prediction of maize single-cross performance using RAPD markers. *Theor Appl Genet* 94: 1023–1030.
- LE CLERC, V., BAZANTE, F., BARİL, C GUIARD, J., ZHANG D. 2005. Assessing temporal changes in genetic diversity of maize varieties using microsatellite markers *Theoretical and Applied Genetics*, 110:294-302.
- LEE, M., SHAROPOVA, N., BEAVIS, W.D., GRANT, D., KATT, M., BLAIR, D.L. and HALLAUER, A.R. 2002. Expanding the genetic map of maize with intermated B73 x MO17 (IBM) population. *Plant Mol. Bio.* 48: 453-461.
- LIU K.D., ZHOU Z.Q., XU C.G., ZHANG Q., SAGHAI MAROOF M.A., 1996. An Analysis of Hybrid Sterility In Rice Using A Diallel Cross of 21 Parents Involving Indica, Japonica and Wide Compatibility Varieties. *Euphytica*, 90, 275-280.
- LOUETTE D. and SMALE M., 2000. Farmer's seed selection practices and Traditional maize varieties in Cuzalpa, Mexico, *Euphytica*, 113, 25-41.
- LU H. and BERNARDO R., 2001. Molecular Marker Diversity Among Current And Historical Maize Inbreds, *Theor Appl Genet.*, 103, 613-617.
- LUBBERSTEDT T., MELCHINGER A.E., DUBLE C., VUYLSTEKE, M. and M., KUIPER, 2000. Relationships among early European maize inbreds: IV. Genetic diversity revealed with AFLP markers and comparison with RFLP, RAPD and pedigree data, *Crop Sci.*, 40, 783-791.
- MACHADO A.T., PEREIRA M.B., PEREIRA M.E., MACHADO C.T.T and MEDICE L.E., 1998. Avaliação de variedades locais melhoradas de milho em diferentes regiões do Brasil, In: Soares A.C., Machado A.T, Silva B.M.

- and von der Weid J.M. (eds) Milho Crioulo, Conservação e Uso da Biodiversidade, AS-PTA, Rio de Janeiro, pp 93-106.
- MAITI R. And WESCHE- EBELING P., 1998- Maize Sience Science Publisher, INC.
- MALVAR, R. A. ORDÁS, A. P. REVILLA and M. E. CARTEA, 1996. Estimates of Genetic Variances in Two Spanish Populations of Maize Crop Sci 36:291-295.
- MANGELSDORF, P.C., 1974. Corn its origin Evolution and improvement Belknap Press Cambrige, MA
- MANIFESTO M.M, SCHLATTER A.R., HOPP H.E., SUAREZ E.Y., DUBCOVSKY J., 2001. Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers, Crop Sci., 41, 682-690.
- MATSUOKA Y, VIGOUROUX, Y. GOODMAN, M.M. SANCHEZ J BUCKLER G., E. S. and J. DOEBLEY., 2002a. A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping, Proc. Nat. Acad. Sci. USA, 99, 6080-6084,.
- MATSUOKA, Y., MITCHELL, S.E., KRESOVICH, S., GOODMAN, M. and DOBELEY J. 2002b. Microsattelite in Zea -variability, patterns of mutations and use for evolutionary studies. Theor. Appl. Genet.104: 436-450.
- MELCHINGER, A.E. 1993. Use of RFLP markers for analysis of genetic relationships 158 among breeding materials and prediction of hybrid performance. Pp. 621-627. In D.R. Buxton et al. (ed.) First international crop science congress. CSSA, Madison, WI.
- MELCHINGER, A.E., GUMBER, R.K., LEIPERT, R.B. and VUYSTEKE, M. 1998. Predication of testcross means and variance among F_3 progenies of F_1 crosses from testcross means and genetic distances of their parents in maize. Theor. Appl. Genet. 96: 503-512.
- MICHELMORE, R.W., PARAN, I. and KESSLI, R.V. 1991. Identification of markers linked to disease resistance genes by bulked segregant analysis: A rapid

- method to detect markers in specific genomic regions using segregating populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 88: 9828-9832.
- MOELLER, D.A. and SCHAAL, B.A. 1999. Genetic relationships among Native American maize accessions of the Great Plains assessed by RAPDs. *Theor. Appl. Genet.* 99:1061-1067.
- MOREAU, L., LEMARIÉ, S., CHARCOSSET, A. and GALLAIS, A. 2000. Economic efficiency of one cycle of marker-assisted selection. *Crop Sci.* 40: 329-337.
- MORGANTE M., RAFALSKY A., BIDDLE P., TINGEY S., OLIVIERI A.M., 1994. Genetic mapping and variability of seven soybean simple sequence repeat loci, *Genome*, 37, 763-769.
- MORRIS, ML, 2002. Impacts of International Maize Breeding Research in Developing Countries, 1966-98. Mexico, DF:CIMMYT.
- NEI M., 1972. Genetic distance between populations, *American Naturalist*, 106, 283-292.
- NEI M., 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 70, 3321-3323.
- NEI M., 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals, *Genetics*, 89, 583-590.
- OLIVEIRA K.M., LABORDA P.R., GARCIA A.A., ZAGATTO-PATERNIANI M.E.A.G. and PEREIRA DE SOUZA A., 2004. Evaluating Genetic Relationships Between Tropical Maize Inbred Lines by Means of AFLP Profiling, *Hereditas*, 140, 24-33.
- ÖGEL B. 2000 Türk Kültür Tarihine Giriş Cilt-II “Türklerde köy ve şehir hayatı Göktürklerden Osmanlılara”. T.C. Kültür Bakanlığı Yayınları/638 Yayınlar Başkanlığı Kültür Eserleri Dizisi/46.
- ÖZBEK H., DİNÇ U., KAPUR S., 1974. Çukurova Üniversitesi Yerleşim Sahası Topraklarının Detaylı Temel Etüt Ve Haritası, Ziraat Fakültesi Yayınları Bilimsel Araştırma ve İncelemeler, 8.

- PARENTONI S.N., MAGALHAES J.V., PACHECO C.A., SANTOS M.X., ABADIE T., GAMA E.E.G., GUIMARAES P.E.O., MEIRELLES W.F., LOPES M.A., VASCONCELOS M.J.V., PAIVA E., 2001. Heterotic Groups Based On Yield-Specific Combining Ability Data And Phylogenetic Relationship Determined By RAPD Markers For 28 Tropical Maize Open Pollinated Varieties, *Euphytica*, 121, 197–208.
- PEJIC I., AJMONE MARSAN P., MORGANTE M., COZUMPLICK V., CASTIGLIONI P., TARAMINO G. and MOTTO M., 1998. Comparative analysis of Genetic Similarity Among Maize Inbred Lines Detected by RFLPs, RAPDs, SSRs, and AFLPs, *Theor Appl Genet.*, 97, 1248-1255,
- PEREZ DE LA VEGA M., 1993. Biochemical Characterization of Populations. *Plant Breeding: Principles and prospects*. Edited by M.D. Hayward, N.O. Bosemark and I. Romagosa. Published in 1993 by Chapman & Hall, London, ISBN 0 412 43390 7.
- PFLUGER L.A. and SHLATTER A.R., 1996. Isozyme variation in some races of Maize from Argentina. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 43, 357-362.
- PINHEIRO de CARVALHO, M.A.A., GANANÇA, J.F., ABREU, I., SOUSA N. F., MARQUES DOS SANTOS T. M., VIEIRA M. R.C and M., MOTTO. 2008. Evaluation of the maize (*Zea mays* L.) diversity on the Archipelago of Madeira. *Genet Resour Crop Evol.* 55:221–233
- POULSEN G.B., KAHL G. and WEISSING K., 1993. Abundance and polymorphism of simple repetitive DNA sequences in *Brassica napus* L. *Theor. Appl. Genet.*, 85, 994-1000.
- POWELL W., MORGANTE M., ANDRE C., HANAFEY M., VOGEL J., TINGEY S. and RAFALSKI A., 1996. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis, *Molecular Breeding*, 2, 225-238.

- PRESSOIR G. and BERHAUD J., 2004. Patterns of population structure in maize landraces from the Central Valleys of Oaxaca in Mexico, *Heredity*, 92, 88-94.
- QUARRIE, S.A., LAZIC-JANCIC, V., KOVACEVIC, D., STEED, A. and PEKIC, S. 1999. Bulk segregant analysis with molecular markers and its use for improving drought resistance in maize. *J. Exp. Botany* 50: 1299-1306.
- RAGOT M., GAY G., MULLER J.P., and DUROVRAY J., 1999. Efficient selection for adaptation to the environment through QTL mapping and manipulation in maize. Workshop on Molecular Approaches for the Genetic Improvement of Cereals for Stable Production in Water-Limited Environments, CIMMYT, Mexico, June 21-25, 1999 Preliminar papers.
- REBOURG C., GOUSNARD B. and CHARCOSSET A., 2001. Large Scale Molecular analysis of Traditional European Maize Populations. Relationship with Morphological Variation, *Heredity*, 86, 574-587.
- REIF JC, HAMRIT S, HECKENBERGER M, SCHIPPRACK W, PETER MAURER H, BOHN M, MELCHINGER AE., 2005. Genetic structure and diversity of European flint maize populations determined with SSR analyses of individuals and bulks. *Theor Appl Genet* 111:906–913
- REVILLA P., SOENGAS P., MALVAR R.A., CARTEA M.E. and ORDAS A., 1998. Isozyme Variation and Historical relationship among the maize races of Spain, *Maydica*, 43, 175-182.
- RIBAUT, J.M. and HOISINGTON, D. 1998. Marker-assisted selection: new tools and strategies. *Trends Plant Sci.* 31: 236-239.
- RODER M.S., PLASCHKE J., KÖNIG S.U., BÖRNER A., SORRELLS M.E., TANKSLEY S.D. and GANAL M.W., 1995. Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat, *Mol.Gen.Genet.*, 246, 327-333.

- RODER MS, KORZUN V., WENDEHAKE K., PLASCHKE J., TIXIER M.H., LEROY P. and GANAL M.W., 1998. A microsatellite map of wheat, *Genetics*, 149, 2007–2023.
- RUIZ DE GALARRETA J.I. and A. ALVAREZ. 2001. Morphological classification of maize landraces from northern Spain *Genetic Resources and Crop Evolution* 48: 391–400.
- SAGHAI-MAROOF M.A., SOLIMAN K.M., JORGENSEN R.A., ALLARD R.W., 1984. Ribosomal DNA Saper-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, Chromosomal location, and population dynamics, *Proc.Natl. Acad.Sci. USA*, 81, 8014-8018.
- SAGHAI-MAROOF, M.A., BIYASHEV, R.M., YANG, G.P., ZHANG, Q. and ALLARD, R.W. 1994. Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barely: Species diversity, chromosomal locations and population dynamics. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 91: 5466-5470.
- SAMBROOK J., FRITSCH E.F. AND MANIATIS T., 1989. Molecular cloning, Second edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY.
- SANAU J., GOUESNARD B. and CHARRIER A., 1997. Isozyme Variability in West African Maize Cultivars (*Zea mays* L.), *Maydica* 42, 1-11.
- SENIOR M.L., HEUN M., 1993. Mapping maize microsatellites and polymerase chain reaction confirmation of the targeted repeats using a CT primer, *Genome*, 36, 884–889.
- SENIOR M.L., MURPHY J.P., GOODMAN M.M. and STUBER C.W., 1998. Utility of SSRs for determining genetic similarities and relationships in maize using an agarose gel system *Crop Science*, Vol 38, Issue 4 1088-1098.
- SHAROPOVA, N., MCMULLEN, M.D., SCHULZ, L., SCHROEDER, S., SANCOCK-VILLEDA, H., GARDINER, J., BERGSTROM, D., HOUCHINS, K., MELIA-HANCOCK, S., MUSKET, T., DURU, N., POLACCO, M., EDWARDS, K., RUFF, T., REGISTER, J.C., BROUWER,

- C., THOMPSON, R., VELASCO, R., CHIN, E., LEE, M., WOODMAN-CLIKEMAN, W., LONG, M. J., LISCUM, E., CONE, K., DAVIS, G. and JR COE, E.H. 2002. Development and mapping of SSR markers for maize. *Plant Mol. Biol.* 48: 463-481.
- SMITH, J.S.C., GOODMAN M.M. And LESTER, R.N., 1981. Variation within teosinte. I. Numerical analysis of morphological data *Econ. Botany* 35:187-203.
- SMITH JSC 1988. Diversity of Hybrid maize germplasm: isozymic Chromatographic evidence *Crop Sci.* 28: 63-69.
- SMITH J. and SMITH O., 1989. The description and assessment of distances between inbred lines of maize: I. The use of morphological traits as descriptors, *Maydica*, 34, 141-150.
- SMITH J.S.C., CHIN E.C.L., SHU H., SMITH O.S., WALL S.J., SENIOR M.L., MITCHELL S.E., KRESOVICH S., ZIEGLE J., 1997. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.) comparisons with data from RFLPs and pedigree, *Theor. Appl. Genet.*, 95, 163-173.
- STUBER CW, WENDEL JF, GOODMAN MM, SMITH JSC 1988. Techniques and scoring procedures for starch-gel electrophoresis of enzymes from maize (*Zea mays* L.). *Tech Bull 286 Res Service*, North Carolina State University, USA.
- STUBER, C. W. POLACCO M. and M. L. SENIOR. 1999. Synergy of Empirical Breeding, Marker-Assisted Selection, and Genomics to Increase Crop Yield Potential *Crop Sci* 39:1571-1583.
- SWOFFORD, D. L. 1998, PAUP* (version 4.0). Phylogenetic analysis using parsimony (*and other methods), Sinauer Associates, Sunderland, MA. (beta version).

- TANKSLEY S.D., YOUNG, N.D., PETERSON A.H. and BONIERBALE, M.W., 1989. RFLP mapping in plant breeding: New tools for old Science Biotechnology 7:257-264.
- TANKSLEY, S.D. 1993. Mapping Polygenes. Annual Review of Genetics Vol. 27: 205-233
- TARAMINO G. and TINGEY S., 1996. Simple sequence repeats for germplasm analysis and mapping in maize, Genome, 39, 277–287.
- TUBEROSA, R., SALVI, S. and PHILLIPS, S. 1998. Bulk segregant analysis confirms the importance of the region near umc89a for days to pollen shed in maize. Maize Gene. Newsl. 72: 71-72.
- TUBEROSA, R., SALVI, S., SANGUINETI, M.C., LANDI, P., MACCAFERRI, M. AND CONTI, S. 2002. Mapping QTLs regulating morph-physiological traits and yield: Case studies, shortcomings and perspectives in drought-stressed maize. Annals Botany 89: 941-963.
- ÜLGER A.C., 1986. Reaktion verschiedener Mais-Inzuchtlinien und-Hybriden auf steigendes Stickstoffangebot, Dissertation, Hohenheim Stuttgart, W. Germany, (1986).
- VALDEMAR P.C., RUAS C.F, FERREIRA J.M., MOREIRA R.M.P. and RUAS P.M., 2004. Genetic diversity among maize (*Zea mays* L.) landraces assessed by RAPD markers, Genetics and Molecular Biology, 27, 2, 228-236.
- VOS P., HOGERS R., BLEEKER M., REIJANS M., VAN DE LEE T., HORNES M., FRIJTERS A., POT J., PELEMAN J., KUIPER M. and ZABEAU M., 1995. AFLP: a New Technique for DNA fingerprinting, Nucleic Acid Research, 23, 4407-4414.
- VUYLSTEKE, M., MANK, R., ANTONISE, R., BASTIAANS, E., SENIOR, M.L., STUBER, C.W., MELCHINGER, A.E., LUBBERSTEDT, T., XIA, X.C., STAM, P., ZABEAU, M. and KUIPER M., 1999. Two high-density AFLP linkage maps of *Zea mays* L.: Analysis of distribution of AFLP markers.

- Theor. Appl. Genet. 99: 921-935.
- VUYLSTEKE, M., KUIPER, M. and STAM, P. 2000a. Chromosomal regions involved in hybrid performance and heterosis: Their AFLP-based identification and practical use in prediction models. *Heredity* 85: 208-218.
- VUYLSTEKE, M., MANK, R., BRUGMANS, B., STAM, P. and KUIPER, M. 2000b. Further characterization of AFLP data as a tool in genetic diversity assessments among maize (*Zea mays* L.) inbred lines. *Mol. Breed.* 6: 265-276.
- WALDEN, H.T., 1966. *Native Inheritance: The Story of Corn in America*, Harper and Row, New York.
- WANG, R.L., STEC, A., HEY, J., LUKENS, L. And DOEBLEY, J. 1999. The limits of selection during maize domestication. *Nature* 398: 236-239.
- WARBURTON ML, Ribaut JM, Franco J, Crossa J, Dubreuil P, Betrán FJ (2005) Genetic characterization of 218 elite CIMMYT inbred maize lines using RFLP markers. *Euphytica* 142:97–106
- WARBURTON ML, XIA XC, CROSSA J, FRANCO J, MELCHINGER AE, FRISCH M, BOHN M, HOISINGTON D 2002. Genetic characterization of CIMMYT maize inbred lines and open-pollinated populations using large scale fingerprinting methods. *Crop Sci* 42:1832-1840
- WHITE P. 2001. *Speciality Corn- Properties of Corn Starch* CRC Press LLC.
- WILKES, G. 1966. *Teosinte: The Closest Relative of Maize* (Bussey Institution, Cambridge, Mass., pp. 1-159.
- WILKES, G. 1982. Wild Relatives of the Maize gene pool. *Maize for Biological research*. Plant molecular biology association, Charlottesville, VA. Pages 335-339 in Sheridan, ed.
- WILKES, G. 2004. Corn strange and marvelous:but its definitive origin known? In C.W. Smith, J. Betran, E.C.A. (eds) *Corn, Origin and History, Technology and Pruduction*. John Wiley and Sons, Inc. New York pp.3-64

- WU K.S. and TANKSLEY S.D., 1993. Abundance, polymorphism and genetic mapping of microsatellites in Rice, *Molec. Genet.*, 241, 225-235.
- YEH F.C., YANG, R.C., BOYLE, T.B.J., YE Z.H., MAO J.X., 1997. The userfriendly shareware for population genetics analysis. Edmonton, Biology and Biotechnology Center, University of Alberta, Canada.
- YU K.F. and PAULS K.P., 1993. Rapid estimation of genetic relatedness among heterogeneous populations of alfalfa by random amplification of bulked DNA samples, *Theoretical and Applied Genetic*, 86, 788-794.
- ZHAO X. and KOCHERT G., 1993. Phylogenetic distribution and genetic mapping of a (GCG)_n microsatellite from Rice (*Oryza Sativa* L.), *Plan Molec. Biol.*, 21, 607-614, (1993).

ÖZGEÇMİŞ

1974 yılında Adana'nın Seyhan ilçesinde doğan Gönül CÖMERTPAY, İlkokul, ortaokul ve lise öğrenimini Adana'da tamamladı. 1993-1994 yılında girdiği Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümünden 1997 yılında mezun oldu. 1997–1998 öğretim yılında Çukurova Üniversitesi Yabancı Diller Eğitim Merkezi'ni başarıyla tamamladı. 1998 yılında Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalında yüksek lisans eğitimine başladı. 2001 yılında yüksek lisans çalışmasını tamamladı. 2000 yılında aynı anabilim dalına Araştırma Görevlisi olarak atandı ve hala aynı görevi yürütmektedir. 2001 yılında yine Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalında Doktora başladı. 2002-2003 Yıllarında İspanya'da “Uluslararası Akdeniz İleri Tarım Araştırmaları Enstitüsü'nde (*CIHEAM-International Centre For Advanced Agronomic Studies*) Bitki Islahı eğitimi aldı. Evli ve bir çocuk annesi.